

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии»

XXV Международная конференция молодых ученых

«Биотехнология в растениеводстве,
животноводстве и сельскохозяйственной
микробиологии»

Сборник КОНФЕРЕНЦИИ



17 – 21 ноября 2025 г.
Москва

ГЕНЕРАЛЬНЫЕ СПОНСОРЫ



ОФИЦИАЛЬНЫЕ СПОНСОРЫ



СПОНСОРЫ



РазДваТри
оперативная печать

Ленинградский проспект 47 стр. 4
74957950299



Оснащение
экспертов



ИНФОРМАЦИОННЫЕ СПОНСОРЫ



**ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ИНСТИТУТ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ
БИОТЕХНОЛОГИИ**

**XXV КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ С МЕЖДУНАРОДНЫМ
УЧАСТИЕМ**

**«БИОТЕХНОЛОГИЯ В РАСТЕНИЕВОДСТВЕ, ЖИВОТНОВОДСТВЕ И
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОЙ МИКРОБИОЛОГИИ»**

17-21 ноября 2025 года

Москва, 2025 г.

УДК 663.18(063);606;573.6;57.088 ББК 30.16

Авт.знак Д22

ISBN 978-5-9216-2512-9

«Биотехнология в растениеводстве, сельскохозяйственной микробиологии»: конференция молодых учёных (Москва, 17 – 21 ноября 2025 г., ФГБНУ ВНИИСБ), сборник тезисов докладов. – М.: ФГБНУ ВНИИСБ, 2025. – 267 с.

25-я Всероссийская молодежная научная конференция «Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии» проводится ежегодно Всероссийским научно-исследовательским институтом сельскохозяйственной биотехнологии. В сборник включены тезисы докладов научных работ аспирантов и молодых ученых научно-исследовательских институтов и ВУЗов. Конференция проводится на основании Соглашения No 075-15-2025-581 от 26.06.2025 о предоставлении из федерального бюджета гранта в форме субсидий на осуществление государственной поддержки программ развития научных центров мирового уровня, выполняющих исследования по приоритетным направлениям научно-технологического развития. Сборник тезисов представляет интерес для специалистов в области биотехнологии, молекулярной биологии, генной инженерии, клеточной биологии и животноводства.



© ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

Оглавление

Геномика, транскриптомика и биоинформатика	16
ИДЕНТИФИКАЦИЯ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА КСИЛОГЛЮКАН ЭНДОТРАНСГЛИКОЗИЛАЗ/ГИДРОЛАЗ В РАСТЕНИИ NICOTIANA BENTHAMIANA И АНАЛИЗ ПРОФИЛЯ ЭКСПРЕССИИ ИХ ГЕНОВ Алимова А.Р., Савченко Я.Ю., Ершова Н.М., Камарова К.А., Шешукова Е.В., Комарова Т.В.	16
ПРИМЕНЕНИЕ МЕТАГЕНОМНЫХ ПОДХОДОВ ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО РАЗВИТИЯ ЖИВОТНОВОДСТВА Дускаев Г.К.	18
КОМПЛЕКСНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОМА ВИНОГРАДА С СИМПТОМАМИ УВЯДАНИЯ Карпова Д.В., Белкина Д.Д., Поротикова Е.В., Юрченко Е.Г. , Виноградова С.В.	20
MULTI-OMICS ANALYSIS REVEALS THE ACTION OF MTCLE35 GENE – NITRATE-REGULATED INHIBITOR OF SYMBIOSIS Petrenko V. A., Rubtsova D. N., Berdigan R. D., Lebedeva M. L., Lutova L. A.	21
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ ТИХИХ ВИН И ПОТЕНЦИАЛ РЕКОМБИНАНТНЫХ БАКТЕРИОЦИНОВ ДЛЯ ПРЕДОТВРАЩЕНИЯ ИХ ПОРЧИ Радченко Н.В., Хуснутдинова Д.Р., Максимова К.А., Пономарева Е.Р., Дьяченко О. В. , Радченко В. В.	23
ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОВЫХ ЦЕНТРОМЕРНЫХ ПОВТОРОВ ЛУКА РЕПЧАТОГО Рябов О.Н., Ермолаев А.С., Кудрявцева Н.А., Хрусталева Л.И.	25
СРАВНИТЕЛЬНАЯ МОРФОФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПОЗВОНОЧНОГО СТОЛБА У ЖИВОТНЫХ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ МЕХАНИЗМА СТАТО-ЛОКОМОТОРНОГО АКТА Серая А.Д., Слесаренко Н.А.	27
ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНА ЛЕПТИНА НА ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫЕ ПРИЗНАКИ КОРОВ МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ Зими́на А.А., Романенкова О.С.	29
ЭНДОФИТНЫЕ БАКТЕРИИ ТОПОЛЯ БЕЛОГО (POPULUS ALBA): ВЫДЕЛЕНИЕ, ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ И ОЦЕНКА БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА Богданова А.С., Гладыш Н.С., Кудрявцева А.В.	31
ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГИБРИДОВ ТОПОЛЯ БЕЛОГО И ОСИНЫ (POPULUS ALBA × P. TREMULA) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP-ПРОФИЛИРОВАНИЯ Гладыш Н.С., Краснов Г.С., Попченко М.И., Кудрявцева А.В.	33
СТГА: ЦИФРОВАЯ ПЛАТФОРМА, ПОСВЯЩЁННАЯ ФУНКЦИОНАЛЬНОЙ ГЕНОМИКЕ CYAMOPSIS TETRAGONOLOBA Зорин Е. А., Вишнякова М. А., Жуков В. А.	33
ОСОБЕННОСТИ МЕТИЛИРОВАНИЯ LTR-РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ ПОДСОЛНЕЧНИКА	

М.Ю. Казанцев, К.Н. Тюрин, П.Ю. Меркулов, И.В. Киров.	35
ОСОБЕННОСТИ МИКРОБИОМА ЭНДОМЕТРИЯ КОРОВ В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ СОДЕРЖАНИЯ	
Ключникова И.А., Ёылдырым Е.А.	36
МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА И ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ФУЗАРИОЗОВ ЗЕРНОБОБОВЫХ КУЛЬТУР	
Лап Л.К., Шингалиев А. С., Дудников М.В.	37
ВСПЛЕСК РЕТРОТРАНСПОЗИЦИИ У NICOTIANA BENTHAMIANA В ОТВЕТ НА ВИРУСНУЮ ИНФЕКЦИЮ	
Меркулов П.Ю., Болотина А.А., Перевозчиков Д.В., Прокофьева А.И., Власова А.В., Ивахненко А.С., Камараули Е.Д., Ухолкина Е.Д., Киров И.В.	39
АНАЛИЗ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК IN SITU В МЕЙОЗЕ У РАСТЕНИЙ С КРУПНЫМ ГЕНОМ	
Одинцов С.В., Колесниченко А.В., Кудрявцева Н.А., Хрусталева Л.И.	40
ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ ВИРУСОВ АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ С РЕПОРТЕРНЫМ ГЕНОМ GFP ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ ВИРУСНЫХ ПРОМОТОРОВ	
Рудакова С.В., Сухер М.М., Кольцов А.Ю., Кольцова Г.С.	42
FISH-КАРТИРОВАНИЕ ЦЕНТРОМЕРНОГО И СУБТЕЛОМЕРНОГО ПОВТОРОВ В БИВАЛЕНТАХ ЛУКА РЕПЧАТОГО, ЛУКА-БАТУНА И ГИБРИДАХ МЕЖДУ НИМИ	
Сыропятова Е.И., Кудрявцева Н.А., Хрусталева Л.И.	44
ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ ОТКРЫТЫЕ РАМКИ СЧИТЫВАНИЯ В МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТАХ РАСТЕНИЙ: ЭВОЛЮЦИОННОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ	
Тюрин К. Н., Киров И. В.	46
ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К ВИРУСУ ВИСНА- МАЕДИ У РОССИЙСКИХ ПОРОД ОВЕЦ	
Яковлева О.С., Денискова Т.Е.	47
МОЛЕКУЛЯРНО-ЭВОЛЮЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ДОМЕСТИЦИРОВАННОГО БЕЛКА GAG РЕТРОТРАНСПОЗОНА Ty1/Coria У ДВУДОЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ	
Янушкевич М. А., Полховский А. В., Киров И. В.	49
Клеточные биотехнологии, регуляторы роста и развития растений.....	
РОЛЬ ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ ГИБЕЛИ В ОНТОГЕНЕЗЕ РАСТЕНИЙ	
Доронина Т.В., Лазарева Е.М.	51
ГОРМОНАЛЬНАЯ РЕГУЛЯЦИЯ АДАПТАЦИИ РАСТЕНИЙ К НЕДОСТАТКУ КИСЛОРОДА И РЕАЭРАЦИИ	
Емельянов В.В.	52
ВВЕДЕНИЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА MAGNOLIA L. В КУЛЬТУРУ IN-VITRO	
Абросимова В.Д., Кащенко Г.А., Швачко Н.А., Бойцова М.В.	55
ВЛИЯНИЕ ЭКЗОГЕННОЙ ОБРАБОТКИ САЛИЦИЛОВОЙ КИСЛОТОЙ НА РОСТ ПЫЛЬЦЕВЫХ ТРУБОК ПРИ САМОНЕСОВМЕСТИМОМ ОПЫЛЕНИИ PETUNIA HYBRIDA E. VILM	
Артюшин А.В., Бухарова А.Р., Молчанова Т.П., Захарова Е.В.	57
ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ НА РОСТОВЫЕ ПАРАМЕТРЫ	

ПРОРОСТКОВ РОЖКОВОГО ДЕРЕВА (<i>CERATONIA SILIQUA</i> L.) IN VITRO	
Салех Абдулрахман, Ковалев В.С., Калашникова Е.А., Киракосян Р.Н.....	58
EVALUATION OF MORPHOLOGICAL CHANGES DURING CLONAL STAGES OF <i>ARONIA MELANOCARPA</i> (MICHX.) ELLIOT PROPAGATION UNDER IN VITRO CONDITIONS	
Abduganiyeva D.O.	60
РАЗРАБОТКА ТЕХНОЛОГИИ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ СЕКВОИ ВЕЧНОЗЕЛЁНОЙ (<i>SEQUOIA SEMPERVIRENS</i> (D. DON) ENDL.) IN VITRO	
Болотина Е.А., Зайцева С.М., Калашникова Е.А., Киракосян Р.Н.	62
ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ НА МОРФОГЕНЕЗ <i>ROBINIA</i> <i>PSEUDOACACIA</i> L. IN VITRO	
Богданов О.В., Калашникова Е.А., Киракосян Р.Н.	64
ПОТЕНЦИАЛЬНОЕ ДЕЙСТВИЕ ПРОДУКТОВ МЕТАБОЛИЗМА ЭНДОФИТОВ <i>V.</i> <i>SUBTILIS</i> НА НАКОПЛЕНИЕ ПИГМЕНТОВ РАСТЕНИЯМИ БАЗИЛИКА	
Авакумов А.Д., Анисимов А.А., Махинова Е.Ю.....	67
ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГИДРОПОНИКИ В КУЛЬТИВИРОВАНИИ РАСТЕНИЙ	
Авилкина А.В., Махинова Е.Ю.	68
РОСТОВЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ КАЛУСА ИЗ ИНТАКТНОГО СОЦВЕТИЯ ЧЕСНОКА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ТИПА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ	
Азопкова М.А.....	70
БИОХИМИЯ ТЫКВЫ МУСКАТНОЙ	
Биджамов Г.А., Гончаров А.В.....	71
ИЗУЧЕНИЕ БИОХИМИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ПОЛЫНИ ГОРЬКОЙ В УСЛОВИЯХ СВЕТОКУЛЬТУРЫ	
Болушева Д.А., Махинова Е.Ю.	73
РЕАКЦИЯ РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ НА ГИПОКСИЮ И РЕОКСИГЕНАЦИЮ	
Даулетова Р.Б., Федореева Л.И., Кононенко Н.В.	75
УСКОРЕННОЕ ПОЛУЧЕНИЕ НОВЫХ ПОКОЛЕНИЙ РАСТЕНИЙ <i>BETA VULGARIS</i> L	
Донских Е.И., Колесникова Е.О., Пономарева С.В., Бердников Р.В.....	77
ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ АНТИМИТОТИЧЕСКИХ ВЕЩЕСТВ НА УДВОЕНИЕ ГЕНОМА САХАРНОЙ СВЕКЛЫ (<i>BETA VULGARIS</i> L.)	
Габорах А.А., Фомичева М. Г., Заячковская Т. В., Домблидес Е. А.	79
АЗОТФИКСИРУЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ РИЗОСФЕРЫ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР ПРИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ СЕМЯН В УСЛОВИЯХ ОМСКОЙ ОБЛАСТИ	
Киселёва А.А., Шулико Н.Н.....	80
ИЗМЕНЕНИЕ МИКРОБНОГО ЦЕНОЗА РИЗОСФЕРЫ ЗЕРНОФУРАЖНЫХ КУЛЬТУР ПРИ ПРИМЕНЕНИИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ СЕМЯН В УСЛОВИЯХ ОМСКОЙ ОБЛАСТИ	
Шулико Н.Н.	82
ВЛИЯНИЕ ПОЧВЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В СОВМЕСТНОМ ПРИМЕНЕНИИ С КОЛХИЦИНОСОМ НА РОСТ И УРОЖАЙНОСТЬ	

СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР

Гайниев Д.И., Гришина О.М.	84
СОРТОВИДОВАЯ РЕАКЦИЯ НИГЕЛЛЫ (NIGELLA L.) НА ИНОКУЛЯЦИЮ МИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТОМ	
Голубев А.Л., Чайковская Л.А., Еговцева А.Ю., Смирнова И.И. Гритчин М.В., Каменев А.О.	89
ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА ПРОДУКТИВНОСТЬ И НАКОПЛЕНИЕ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ ШАЛФЕЯ ЛЕКАРСТВЕННОГО	
Горина А. А., Махинова Е. Ю.	91
КРЕМНИЙ И ЗАЩИТА ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР	
Ибатуллин И.М., Гилязов М.Ю., Лукманов А.А.	92
УРОЖАЙНОСТЬ ТОМАТА В ЗАЩИЩЕННОМ ГРУНТЕ ПРИ ПРИМЕНЕНИИ РЕГУЛЯТОРОВ РОСТА	
Хлусов В.Н., Гончаров А.В.	95
ИСКУССТВЕННЫЙ ИНТЕЛЛЕКТ, ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ И АДДИТИВНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ: НОВЫЙ ИНСТРУМЕНТАРИЙ АГРОБИОТЕХНОЛОГИЙ	
Кириллов Б.А., Кузьмин А.А., Коломенский Д.С.	97
О БИОХИМИЧЕСКОМ СОСТАВЕ ПЛОДОВ И СЕМЯН ТЫКВЫ КРУПНОПЛОДНОЙ	
Кокоева М.А., Гончаров А.В.	98
БИОПРЕПАРАТЫ И КОРНЕВАЯ СИСТЕМА ПШЕНИЦЫ ЯРОВОЙ	
Корчагина И.А.	101
УПРАВЛЕНИЕ ВТОРИЧНЫМ ЭМБРИОГЕНЕЗОМ В КУЛЬТУРЕ ИЗОЛИРОВАННЫХ МИКРОСПОР IN VITRO МОРКОВИ СТОЛОВОЙ (DAUCUS CAROTA L.): ВЛИЯНИЕ СОСТАВА И КИСЛОТНОСТИ ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ	
Кулаков Ю.В., Вюртц Т.С., Домблидес Е.А.	103
ПОВЫШЕНИЕ УСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ ПШЕНИЦЫ К МЕДИ С ПОМОЩЬЮ BACILLUS SUBTILIS	
Курамшина З.М., Резванов В. М.	105
ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА НАКОПЛЕНИЕ ФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ ВОЛДЫРНИКОМ ЯГОДНЫМ В УСЛОВИЯХ СВЕТОКУЛЬТУРЫ	
Махинова Е.Ю., Анисимов А.А., Авакумов А.Д.	107
АНАЛИЗ МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И БИОХИМИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ В УСЛОВИЯХ АБИОТИЧЕСКОГО СТРЕССА	
Мамиргова М.М., Гладкевич В.О.	110
ОСОБЕННОСТИ МЕТАБОЛИЗМА МИКРОВОДОРОСЛЕЙ СЕМЕЙСТВА SYMBIODINIACEAE И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В АДАПТИВНОМ ЗЕМЛЕДЕЛИИ	
Миронова В. В., Авакумов А. Д.	112
РАЗРАБОТКА ПРОТОКОЛА ЭМБРИОКУЛЬТУРЫ ПОДСОЛНЕЧНИКА ДЛЯ ЦЕЛЕЙ СПИДБРИДИНГА	

Муратов Т.Р., Радзенице С., Мохов Т.Д., Меглицкая Я.С., Самарина М.А., Блинков А.О., Дивашук М.Г.	114
СИСТЕМАТИЗАЦИЯ МНОГОКЛЕТОЧНЫХ СТРУКТУР, ФОРМИРУЮЩИХСЯ ВО ФЛОТИРУЮЩЕЙ КУЛЬТУРЕ ПЫЛЬНИКОВ ТРИТИКАЛЕ И ОЦЕНКА ИХ МОРФОГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА	
Нагамова В.М., Бизякина Д.О., Федорова Т.А., Табуйка А.А., Панченко В.В., Блинков А.О., Дивашук М.Г.	116
EVALUATION OF IN VITRO PHOSPHATE SOLUBILIZATION BY THE ENDOPHYTIC BACTERIAL STRAIN <i>Bacillus subtilis</i> CrEw1018	
М.Т.Norboyev*, Z.F.Ismailov.....	118
ВЛИЯНИЕ УСЛОВИЙ ЭКСТРАКЦИИ НА АНТИОКСИДАНТНУЮ АКТИВНОСТЬ <i>CALENDULA OFFICINALIS</i> L	
Ошкин Д.А., Хомяков Ю.В., Гурова Т.А.	120
ОЦЕНКА СПОСОБНОСТИ ИЗОЛЯТОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ОРГАНОВ БОРЩЕВИКА СОСНОВСКОГО, СИНТЕЗИРОВАТЬ ИУК	
Платонов А.В., Рассохина И.И., Сухарева Л.В., Ерегина С.В.	122
ИММУНОДЕТЕКЦИЯ В ИССЛЕДОВАНИЯХ: ТРУДНОСТИ И ПУТИ ИХ ПРЕОДОЛЕНИЯ	
Ю.В. Попова, Н.А. Кудрявцева, Л.И. Хрусталева.....	124
ОСОБЕННОСТИ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНОЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ СЕМИСУТОЧНЫХ ПРОРОСТКОВ ЯЧМЕНЯ ПОСЛЕ РАЗДЕЛЬНОГО И СОЧЕТАННОГО ДЕЙСТВИЯ γ -ИЗЛУЧЕНИЯ И СВИНЦА	
Празян А.А., Смирнова А.С., Битаршвили С.В., Лыченкова М.А., Гераськин С.А. ..	126
ДЕЙСТВИЕ БАКТЕРИЙ РОДОВ <i>PSEUDOMONAS</i> И <i>BACILLUS</i> НА РОСТ И ПРОДУКТИВНОСТЬ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР В УСЛОВИЯХ ВОЛОГОДСКОЙ ОБЛАСТИ	
Рассохина И.И., Платонов А.В.	128
ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ РЕАКЦИИ <i>MENTHA PIPERITA</i> L	
Рязанова С.М., Махинова Е.Ю.	130
ФИТОЭФФЕКТ ПРИ СОЛЕВОМ СТРЕССЕ ОВСА	
Савельева Ю.В., Ерёмин Д.И.	131
ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ НА УРОВЕНЬ АФК И МЕЗОСТРУКТУРУ КОРНЕЙ ЯЧМЕНЯ	
Савенко Е.М., Кононенко Н.В., Богоутдинова Л.Р., Баранова Е.Н.	133
ДИНАМИКА АЛЛЕЛОПАТИЧЕСКОГО РЕЖИМА В ЛЕСНЫХ БИОГЕОЦЕНОЗАХ	
Семко Е.К., Авакумов А.Д.	135
ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД НА ЭФФЕКТИВНОСТЬ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ <i>ULMUS PUMILA</i> L	
Шабанова Е.А.	137
ТЕХНОЛОГИЯ МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ <i>VINCETOXICUM HIRUNDINARIA</i> MEDICUS	
Смирнова В.С., Ситникова О.Н.	139
СВЯЗЬ ИММУНО-БИОХИМИЧЕСКОГО СТАТУСА С ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТЬЮ ПРОДУКТИВНОГО ПЕРИОДА У КУР-НЕСУШЕК	

Йылдырым Е.А., Филиппова В.А., Соколова К.А., Ильина Л.А., Лаптев Г.Ю.	141
ИЗМЕНЕНИЯ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ КУЛЬТИВАЦИОННОЙ СРЕДЫ В ПРОЦЕССЕ МОРФОГЕНЕЗА TARAXACUM KOK-SAGHYZ R. В УСЛОВИЯХ IN VITRO	
Стаценко Е. А., Мартиросян Л.Ю. Мартиросян Ю.Ц.	143
ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА МОРФОБИОЛОГИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ СОРТОВ СОИ (GLYCINE MAX L.) В УСЛОВИЯХ ИСКУССТВЕННОГО КЛИМАТА	
Свистунова Н.Ю., Минькова Я.В., Ромашкина С.И., Канунникова В.Ю., Кочешкова А.А., Дивашук М.Г.	145
ВЛИЯНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО ФУНГИЦИДА, СОДЕРЖАЩЕГО ГРИБ TRICHODERMA VIRIDE НА БИОЛОГИЧЕСКУЮ АКТИВНОСТЬ ЛУГОВО- ЧЕРНОЗЕМОВИДНОЙ ПОЧВЫ	
Косицына О.А., Чагарова О.В., Цимбал А.В., Секрет Ю.М., Кузнецова В.А.	148
ДЛИТЕЛЬНОЕ АППАРАТНОЕ КУЛЬТИВИРОВАНИЕ КЛЕТОК ФАРМАЦЕВТИЧЕСКИ ЦЕННОГО ВИДА POLYSCIAS FILICIFOLIA (С.МООРЕ EX Е.FOURN.) L.H. BAILEY – ПРОДУЦЕНТА ТРИТЕРПЕНОВЫХ ГЛИКОЗИДОВ	
Тюрина Т.М., Прудникова О.Н., Клычников О.И., Метальников П.С., Титова М.В.	150
СПОСОБ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТЕНИЙ MISCANTHUS X GIGANTEUS В КУЛЬТУРЕ IN VITRO	
Усачев Д.В., Калинина А.А., Аверина А.В.	151
ТРИТИКАЛЕ КАК ОБЪЕКТ ИЗУЧЕНИЯ НАСЛЕДОВАНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ К ВОЗБУДИТЕЛЮ СТЕБЛЕВОЙ РЖАВЧИНЫ	
Дудникова К.Ю., Дудников М.В., Баранова О.А.	152
ВЛИЯНИЕ КОМПОНЕНТОВ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД, СОЗДАЮЩИХ СЛАБОЕ СТРЕССОВОЕ ВОЗДЕЙСТВИЕ, НА РАЗВИТИЕ, ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ И АДАПТАЦИЮ РАСТЕНИЙ ВИНОГРАДА В КУЛЬТУРЕ IN VITRO	
Вялков В.В., Сундырева М.А., Ребров А.Н.	153
О НЕКОТОРЫХ ПРОБЛЕМАХ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ТКАНЕЙ ЛЮПИНА УЗКОЛИСТНОГО (LUPINUS ANGUSTIFOLIUS) IN VITRO	
Жгунов И. С., Мартиросян Л. Ю., Лысенко Д. А., Мартиросян Ю. Ц.,	157
ДИНАМИКА ИЗМЕНЕНИЯ СОДЕРЖАНИЯ ПОЛИФЕНОЛОВ В ЖЕЛУДЯХ ДУБА ЧЕРЕШЧАТОГО И ДУБА КРАСНОГО ПРИ ПРОРАСТАНИИ В УСЛОВИЯХ ВОДНОГО СТРЕССА	
Зятева Е.С., Лебедев В.Г.	159
ОСОБЕННОСТИ ВЛИЯНИЯ КРАСНОГО И ДАЛЬНЕГО КРАСНОГО СВЕТА НА ПРОДУКЦИОННЫЙ ПРОЦЕСС РАСТЕНИЙ (НА ПРИМЕРЕ САЛАТА-ЛАТУКА)	
Анисимов А.А., Авакумов А.Д., Махинова Е.Ю.	161
ИЗУЧЕНИЕ РЕПРОДУКЦИИ КАЛЛУСНЫХ КЛЕТОК ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ IN VITRO	
Бибяев Н.С., Романова К.Э., Товстыко Д.А. , Воршева А.В.	162
РЕГУЛЯТОРЫ РОСТА РАСТЕНИЙ И ИХ ВЛИЯНИЕ НА РАЗВИТИЕ МАЛИНЫ	

СОРТА ШУНТУКСКАЯ	
Добренков Е. А., Мамсиров Н. И.	164
ОЦЕНКА ПОТЕНЦИАЛА КАЛЛУСООБРАЗОВАНИЯ СОРТОВ ГРЕЧИХИ ОБЫКНОВЕННОЙ	
Иматуллина Г.И.	167
ПОЛИМЕРНЫЕ НОСИТЕЛИ НА ОСНОВЕ КРИОГЕЛЕЙ ПОЛИВИНИЛОВОГО СПИРТА С ДОБАВКАМИ РЕГУЛЯТОРОВ РОСТА РАСТЕНИЙ ДЛЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА	
Ли В.А., Колосова О.Ю., Быстрова Н.А., Лозинский В.И.	169
ВЫХОД ЦИТОХРОМА С ИЗ МИТОХОНДРИЙ ПЫЛЦЕВЫХ ТРУБОК РЖИ (SECALE CEREALE L.) В ХОДЕ ГАМЕТОФИТНОЙ САМОНЕСОВМЕСТИМОСТИ КАК МАРКЕР ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ СМЕРТИ	
Молчанова Т.П., Бен. С., Лазарева Е.М., Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В.	171
ФЕРТИЛЬНОСТЬ ПЫЛЦЫ ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ: ОТ ФУНДАМЕНТАЛЬНОЙ ОЦЕНКИ ДО ПРИКЛАДНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ	
Панков И.А., Бухарова А.Р.	172
ЦИТО-ЭМБРИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ ГИБЕЛИ ЖЕНСКОГО ГАМЕТОФИТА ПРИ ОТДАЛЕННОЙ ГИБРИДИЗАЦИИ NIKOTIANA TABACUM L. И PETUNIA HYBRIDA E. VILM	
Симонов И.М., Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В.	174
ПРИМЕР ПРЕОДОЛЕНИЯ НЕГАТИВНЫХ УСЛОВИЙ ЗАСУХИ ПРИ ВОССТАНОВЛЕНИИ ПОЧВЕННОЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ПИЩЕВОЙ СЕТИ	
Собкалов А.В., Мамсиров Н. И.	175
РОЛЬ АФК ПРИ ФУНКЦИОНИРОВАНИИ МЕЖРОДОВЫХ БАРЬЕРОВ ГИБРИДИЗАЦИИ В ПРОГАМНОЙ ФАЗЕ ОПЛОДОТВОРЕНИЯ NICOTIANA TABACUM L. И PETUNIA HYBRIDA E VILM	
Гасанов Е.А., Голиванов Я.Ю. , Захарова Е.В.	177
ДИНАМИКА СОДЕРЖАНИЯ АКТИВНЫХ ФОРМ КИСЛОРОДА В СИСТЕМЕ ПЫЛЬЦА-ПЕСТИК ПРИ ФУНКЦИОНИРОВАНИИ МЕЖРОДОВЫХ БАРЬЕРОВ ГИБРИДИЗАЦИИ У РАСТЕНИЙ СЕМЕЙСТВА SOLANACEAE	
Коконина М.А., Голиванов Я.Ю. , Захарова Е.В.	178
ВОЗДЕЙСТВИЕ КОЛХИЦИНА НА ЖИЗНЕСПОСОБНОСТЬ И РОСТОВЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ КАЛЛУСОВ LUPINUS ALBUS И LUPINUS ANGUSTIFOLIUS	
Лысенко Д. А., Мартиросян Л. Ю., Жгунов И. С., Константинова Д. П., Мартиросян В.В.	179
АКТИВАЦИЯ КАСПАЗО-ПОДОБНЫХ ПРОТЕАЗ КАК МЕХАНИЗМ ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ СМЕРТИ ПРИ МЕЖРОДОВОЙ НЕСОВМЕСТИМОСТИ У ПЕТУНИИ	
Ульянов А.И.*, Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В.	181
Прикладные генетические технологии 183	
БИОТЕХНОЛОГИЯ, СЕЛЕКЦИЯ И ПРОДОВОЛЬСТВЕННАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ В УСЛОВИЯХ ТАДЖИКИСТАНА	
Партоев К., Саидзода С. Т., Сатторов Б.Н., Суярзода С.Дж. Мирзоали С.	183
ФЕНОТИПИЧЕСКАЯ И МОЛЕКУЛЯРНО - ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА	

КОЛЛЕКЦИОННЫХ ГЕНОТИПОВ BETA VULGARIS L

Налбандян А.А., Васильченко Е.Н., Федулова Т.П., Черкасова Н.Н., Сенютин А.А.... 185

ИЗУЧЕНИЕ СОРТОВ ЦИКОРИЯ В УСЛОВИЯХ ТАДЖИКИСТАНА

Сатторов Б.Н., Астайкина А.А., Кубарев Е., Партоев К. 186

СКРИНИНГ КОЛЛЕКЦИИ МЯГКОЙ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ НА НАЛИЧИЕ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ

Алкубеси М., Черноок А.Г., Дивашук М.Г. 188

INCREASING WILT DISEASE RESISTANCE OF COTTON (GOSSYPIMUM) BASED ON GENETIC ENGINEERING (RNAI)

Bozorov I.E., Darmanov M.M., Ayubov M.S., Norov T.M., Khusenov N.N., Buriev Z.T. . 190

НАПРАВЛЕННЫЙ МУТАГЕНЕЗ ГЕНА SENH3 ДЛЯ ИНДУКЦИИ ГАПЛОИДИИ У ТОМАТА С ЦЕЛЬЮ УСКОРЕННОГО ПОЛУЧЕНИЯ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ

Черняев К.А., Фомичева М.Г. 191

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БЕЛКОВЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ СОРТОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ПШЕНИЦЫ ТВЕРДОЙ В БЕЛАРУСИ

Дуктова Н.А., Егоров С.В., Бугрова Е.А. 192

ТКАНЕСПЕЦИФИЧНЫЙ ПАТТЕРН ПРОМОТОРА ГЕНА А-ГАРПИНИНА SM-AMP-X ИЗ STELLARIA MEDIA В ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЯХ

Иванова Л.А., Комахин Р.А. 194

ВИДОВОЙ СОСТАВ FUSARIUM SPP. В МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА РАЗВИТИЕ КОРНЕВОЙ СИСТЕМЫ CUCUMIS SATIVUS L

Каменева А.В., Слетова М.Е., Чижик В.К., Мартынов В.В. 196

АЛЛЕЛЬНАЯ СТРУКТУРА ГЕНА DRO-5A В КОЛЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Хуртова К.И., Черноок А.Г., Моргунов А.И., Шаманин В.П., Наджодов Б.Б., Дивашук М.Г. 197

ОЦЕНКА ПОРОГОВОЙ ДОЗЫ ОБЛУЧЕНИЯ БЫСТРЫМИ НЕЙТРОНАМИ ДЛЯ ИНДУКЦИИ АДАПТИВНОГО ОТВЕТА У ПРОРОСТКОВ ТРИТИКАЛЕ (X TRITICOSECALE)

Кругляк А.И., Алексеёнок Ю.В., Волкова П.Ю., Дорошкевич А.С., Соловьёв А.А. ... 199

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПЕРСПЕКТИВНЫХ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ ФАСОЛИ ОВОЩНОЙ (PHASEOLUS VULGARIS L.) К ВИРУСУ ОБЫКНОВЕННОЙ МОЗАИКИ (BEAN COMMON MOSAIC VIRUS, BCMV)

Крупинская Е.С., Домблides А.С., Енгальцева И.А., Антошкин А.А. 200

USING CRISPR/CAS9 TO INCREASE THE SHELF LIFE OF TOMATO FRUIT

Murodov A.A., Ayubov.M.S., Mamajonov B.O., Yusupov A.N., Obidov N.SH., Bashirxonov Z.H., Buriyev Z.T. 202

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ТРАНСЛОКАЦИЙ 1RS.1BL/1RS.1AL У ОБРАЗЦОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ИХ УСТОЙЧИВОСТЬ К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССАМ

Наджодов Б.Б., Мохов Т.Д., Черноок А.Г., Баженова С.С., Рубец В.С., Дивашук М.Г. 203

АПРОБИРОВАНИЕ ПРОТОКОЛА АГРОБАКТЕРИАЛЬНОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ ТОМАТОВ

Аверьянова Э.В., Нежданова А.В. 205

MULTI-OMICS ANALYSIS REVEALS THE ACTIO OF MTCLE35 GENE – NITRATE-REGULATED INHIBITOR OF SYMBIOSIS	
Petrenko V. A., Rubtsova D. N., Berdigan R. D., Lebedeva M. L., Lutova L. A.	207
ПОДАВЛЕНИЕ ХИТИНСИΝТАЗ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ РОДА FUSARIUM С ПОМОЩЬЮ дцРНК	
Рекина А. Е., Шингалиев А. С.	209
ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ ВИРУСОВ АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ С РЕПОРТЕРНЫМ ГЕНОМ GFP ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ ВИРУСНЫХ ПРОМОТОРОВ	
Рудакова С.В., Сухер М.М., Кольцов А.Ю., Кольцова Г.С.	211
ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОДУКТОВ ГЛУБОКОЙ ПЕРЕРАБОТКИ ЗЕРНА ОЗИМОЙ ТРИТИКАЛЕ	
Семенова А.В., Адикаева Л.В., Соловьев А.А.	213
ХАРАКТЕРИСТИКА ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, ПОЛУЧЕННЫХ С УЧАСТИЕМ ВИДОВ СЕКЦИИ VULGATIS, ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ	
Щелканов Д.А., Рубец В.С., Черноок А.Г.	215
НОКАУТ ГЕНА STDMR6-1 У РАСТЕНИЙ КАРТОФЕЛЯ S. TUBEROSUM L. С ПОМОЩЬЮ CRISPR/CAS9	
Волков М.К., Антипов А.Д., Сущенко А.С., Монахова Ю.В., Трофимов А.С., Карлов В.Д. *	217
АНАЛИЗ ТРАНСКРИПЦИОННОЙ АКТИВНОСТИ МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В NICOTIANA BENTHAMIANA ПРИ ВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ И ДЕЙСТВИИ СУПРЕССОРОВ САЙЛЕНСИНГА	
Ухолкина Е.Д., Болотина А.А., Меркулов П.Ю., Киров И.В.	218
ВИРУС-ИНДУЦИРОВАННОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНОМА ARABIDOPSIS THALIANA С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ КОМПАКТНЫХ РНК-НАПРАВЛЕННЫХ ДНК-ЭНДОНУКЛЕАЗ	
Уткина В.В., Мардини М., Киров И.В.	220
МОЛЕКУЛЯРНО-ЭВОЛЮЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ДОМЕСТИЦИРОВАННОГО БЕЛКА GAG РЕТРОТРАНСПОЗОНА Ty1/Copia У ДВУДОЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ	
Янушкевич М. А., Полховский А. В., Киров И. В.	221
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ J И ST ДИКОРАСТУЩИХ ЗЛАКОВ	
Юркина А.И., Крупин П.Ю., Дивашук М.Г.	222
АНАЛИЗ ИЗМЕНЕНИЙ ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У T1 ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА (GOSSYPIUM HIRSUTUM L.) С РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЕЙ ГЕНА NY5	
Мамажонов Б.О., Аюбов М.С., Юсупов А.Н., Обидов Н.Ш., Муродов А.А., Баширхонов З.Х. Имомходжаева А.С. Fayzullayeva G. J.	223
ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА СОРТООБРАЗЦОВ ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ	
Власова А.А., Мухордова М.Е., Урман М.В.	225
НОВЫЙ СИНТЕТИЧЕСКИЙ ПРОМОТОР НА ОСНОВЕ ПРОМОТОРОВ ГЕВЕИН-ПОДОБНЫХ ГЕНОВ SmAMP1 И SmAMP2 ИЗ РАСТЕНИЯ S. MEDIA ДЛЯ	

ЭФФЕКТИВНОЙ ЭКСПРЕССИИ ТРАНСГЕНОВ	
Ефремова Л.Н., Комахин Р.А.	226
ОЦЕНКА ПОТЕНЦИАЛА ВИРУСНЫХ ВЕКТОРОВ ДЛЯ VIGE САХАРНОЙ СВЕКЛЫ	
Москалев Е.А., Болотина А.А., Груздев И.В., Киров И.В.	228
ВЫЯВЛЕНИЕ КОЛЬЦЕВОЙ РНК ГЕНА ДЕМЕТИЛАЗЫ ГИСТОНОВ КУКУРУЗЫ	
Смотрова Ю.Н., Князев А.Н., Разумова О.В.	230
ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ПРОМОТОРА ГЕНА ДЕФЕНЗИНА SM-D1 ИЗ РАСТЕНИЯ STELLARIA MEDIA	
Трофимов А.С., Комахин Р.А.	231
РАСПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ АДАПТИВНОСТИ И ПРОДУКТИВНОСТИ У ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В КОЛЛЕКЦИИ КАСИБ	
Черноок А. Г., Хуртова К. И., Моргунов А. И., Шаманин В. П., Наждодов Б. Б., Дивашук М. Г.	233
АНАЛИЗ КОПИЙНОСТИ РЕТРОТРАНСПОЗОНА ONSEN В ПОПУЛЯЦИИ A. THALIANA ПОСЛЕ ПРИМЕНЕНИЯ КОМБИНИРОВАННОГО СТРЕССА	
Ялтанская А.В., Серганова М.А., Меркулов П.Ю., Киров И.В.	235
МЕТААНАЛИЗ ДНК-МАРКЕРОВ В КОЗОВОДСТВЕ ПО ИСТОЧНИКАМ В ОТКРЫТОМ ДОСТУПЕ: НАЧАЛЬНЫЕ ШАГИ	
М.А. Владимиров, Т.Е. Денискова.	236
Современные методы селекции	238
ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГИБРИДОВ ТОПОЛЯ БЕЛОГО И ОСИНЫ (POPULUS ALBA × P. TREMULA) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP-ПРОФИЛИРОВАНИЯ	
Гладыш Н.С., Краснов Г.С., Попченко М.И., Кудрявцева А.В.	238
ВЛИЯНИЕ АБИОТИЧЕСКИХ УСЛОВИЙ СРЕДЫ И ИММУНОИНДУЦИРУЮЩИХ ОБРАБОТОК НА ЗАЩИТНЫЕ РЕАКЦИИ ВИНОГРАДА ПРОТИВ ФИТОПАТОГЕНОВ	
Баранов М.О., Луцкий Е.О., Сундырева М.А.*	239
ОЦЕНКА МОРФОГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ГЕНОТИПОВ КУКУРУЗЫ ДЛЯ ПОСЛЕДУЮЩЕГО ГЕНОМНОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНА GBSS	
Дмитриева А.Р.*, Симоненко Д.С., Ефремова Л.Н., Князев А.Н., Семенова Д.А., Блинков А.О., Дивашук М.Г.	240
ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ СОДЕРЖАНИЯ СЫРОГО ПРОТЕИНА В ЗЕРНОВКАХ ГЛАВНОЙ МЕТЕЛКИ ПЛЁНЧАТОГО ОВСА	
Бизин А.И., Вerveйн С.С.	242
ПОВЫШЕНИЕ АДАПТИВНОСТИ ОГУРЦА К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССАМ	
Чинчаладзе М.Г.	244
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ И УРОВНЯ УСТОЙЧИВОСТИ РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ BEAUVERIA BASSIANA К ФУНГИЦИДАМ ГРУППЫ ТРИАЗОЛОВ	
Ханова А.С., Блинова Я.А., Шубина С.И., Горбатова И.В., Казакова Е.А.	246
ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ ГИБРИДОВ ЦВЕТНОГО КАРТОФЕЛЯ К РАКУ И ЗОЛОТИСТОЙ НЕМАТОДЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЛАБОРАТОРНЫХ МЕТОДОВ	

И МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

Королева А.К., Сиволапова А.Б., Мананков В.В.....	248
ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ ПРИЁМЫ ЗАКЛАДКИ УЧАСТКОВ ГИБРИДИЗАЦИИ, ОБЕСПЕЧИВАЮЩИЕ ПОЛУЧЕНИЕ ВЫСОКОГО УРОЖАЯ СТЕРИЛЬНОЙ МАТЕРИНСКОЙ ЛИНИИ ЯРОВОГО РАПСА LHS-1 НА ОСНОВЕ ЦМС «POLIMA»	
Кудинов М.И1., Горшков В.И1.	250
ИССЛЕДОВАНИЕ МЕХАНИЗМОВ ПОВЫШЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ ВИНОГРАДА К АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССОРАМ С ПОМОЩЬЮ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ	
Луцкий Е.О., Сундырева М.А., Баранов М.О.	252
РАСТЕНИЯ ЭКСТРЕМОФИЛЫ: БИОРЕСУРС ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА В УСЛОВИЯХ МЕНЯЮЩЕГОСЯ КЛИМАТА	
Шабанова А.Е. , Авакумов А.Д.	253
РАЗРАБОТКА ПАНЕЛИ SSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ УРОВНЯ ГИБРИДНОСТИ КОЧАННОЙ КАПУСТЫ (BRASSICA OLERACEA VAR. CAPITATA)	
Стрембовский И.В., Черноок А.Г., Лаппо А.А., Самарина М.А., Крупин П.Ю., Дивашук М.Г.....	254
ИЗУЧЕНИЯ ГЕНОТИПОВ ЧЕЧЕВИЦЫ В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОГО КАЗАХСТАНА	
Хасанова Г.Ж., Джатаев С.А., Кузбакова М.М., Середа Т.Г.....	255
СОЗДАНИЕ НОВЫХ ФОРМ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (Triticum durum Desf.) С УЛУЧШЕННЫМИ КАЧЕСТВЕННЫМИ ПРИЗНАКАМИ ЗЕРНА В УСЛОВИЯХ СЕВЕРНОГО КАЗАХСТАНА	
Утебаев М.У., Хасанова Г.Ж., Дашкевич С.М., Крадецкая О.О., Чилимова И.В.	257
ОПТИМИЗАЦИЯ ПРОТОКОЛА СПИДБРИДИНГА ТВЁРДОЙ ПШЕНИЦЫ ЗА СЧЁТ УВЕЛИЧЕНИЯ ДОЛИ ДАЛЬНЕГО КРАСНОГО СВЕТА В СПЕКТРЕ ОПТИЧЕСКОГО ИЗЛУЧЕНИЯ	
Бизякина Д.О., Нагамова В.М., Радзениеце С., Блинков А.О., Минькова Я.В., Свистунова Н.Ю., Кочешкова А.А., Яновский А.С., Дивашук М.Г.....	258
ОСОБЕННОСТИ НАСЛЕДОВАНИЯ ПРИЗНАКОВ У РЫЖИКА ПОСЕВНОГО CAMELINA SATIVA (L.) CRANTZ	
Веселкин А.А., Козенкова П.И., Ражина П.Л., Лебедева М.В., Таранов В.В.	259
СТРУКТУРА УЛЬЯНОВСКОЙ, САРАТОВСКОЙ И ТАТАРСТАНСКОЙ ПОПУЛЯЦИЙ ФИТОПАТОГЕННОГО ГРИБА RUSSINIA GRAMINIS F.SP. TRITICI ПО ПРИЗНАКУ ВИРУЛЕНТНОСТИ И ДНК МАРКЕРАМ	
Тищенко А.А., Баранова О.А.	261
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДНК МАРКЕРОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ К ПОЛЕГАНИЮ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ	
Сокибоева Д.Б., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н.	262
РАЗРАБОТКА ПОДХОДА УСКОРЕННОГО СОЗДАНИЯ СТЕРИЛЬНЫХ АНАЛОГОВ МАТЕРИНСКИХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ (ZEA MAYS L.) В УСЛОВИЯХ СПИДБРИДИНГА	
Симоненко Д.С., Дмитриева А.Р., Блинков А.О., Самарина М.А., Мохов Т.Д., Радзениеце С., Дивашук М.Г.....	264

Геномика, транскриптомика и биоинформатика

ИДЕНТИФИКАЦИЯ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА КСИЛОГЛЮКАН ЭНДОТРАНСГЛИКОЗИЛАЗ/ГИДРОЛАЗ В РАСТЕНИИ *NICOTIANA BENTHAMIANA* И АНАЛИЗ ПРОФИЛЯ ЭКСПРЕССИИ ИХ ГЕНОВ

Алимова А.Р.^{1,2}, Савченко Я.Ю.³, Ершова Н.М.², Камарова К.А.², Шешукова Е.В.²,
Комарова Т.В.^{1,2}

1 – ФГБОУ ВО «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова»
(ФГБОУ ВО МГУ имени М.В. Ломоносова), Москва 119991; E-mail:
alimovaar@my.msu.ru

2 – ФГБУН «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии
наук» (ФГБУН ИОГен РАН), Москва 119991

3 – ФГАОУ ВО «Первый Московский государственный медицинский университет им.
И.М. Сеченова Министерства здравоохранения Российской Федерации» (ФГАОУ ВО
Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России)

Клеточная стенка (КС) является важной защитной структурой растительной клетки. Она играет роль физического и биохимического барьера, который защищает клетку от внешнего воздействия, а также участвует в других процессах: в делении, росте и изменении её формы. Эти процессы сопровождаются многочисленными перестройками структуры КС и изменением её свойств. Одним из компонентов КС является ксилоглюкан – полисахарид, относящийся к классу гемицеллюлоз. Ксилоглюкан содержится в первичной КС растений. Он заполняет пространство между микрофибриллами целлюлозы, связываясь с ними и способствуя повышению прочности КС. Семейство ксилоглюкан эндотрансгликозилаз/гидролаз (ХТН) представлено ферментами, которые осуществляют расщепление и реорганизацию молекул ксилоглюкана, тем самым, изменяя структуру целлюлозно-пектинового матрикса и ремоделируя клеточную стенку. Белки семейства ХТН играют важную роль в росте, развитии растений и их адаптации к стрессам. Данные белки имеют в своём составе два домена: Glyco_hydro_16 (Pfam/InterPro ID: PF00722) и XET_C (Pfam/InterPro ID: PF06955) [1,2].

Nicotiana benthamiana является модельным организмом для изучения различных биологических процессов, в том числе, механизмов устойчивости к стрессовым воздействиям и к вирусной инфекции. Однако нет данных о роли его генов, кодирующих белки ХТН, в ответах на биотические стрессы (например, на вирусную инфекцию). Целью настоящей работы является поиск, идентификация и характеристика генов, кодирующих белки ХТН, и анализ их профиля экспрессии в условиях вирусной инфекции.

В геноме *N. benthamiana*, полученном из базы данных SolGenomics [3], с помощью биоинформатического инструмента HMMER3.0 и сравнительного анализа было идентифицировано 36 генов, кодирующих белки ХТН. Эти белки были классифицированы на две подгруппы на основе их филогенетических связей, а именно: группа I/II и группа III. Реконструкция филогении была проведена на основе множественного выравнивания нуклеотидных или белковых последовательностей с использованием алгоритма MAFFT

(метод FFT-NS-1, матрицы замен 200PAM и BLOSUM62, соответственно) [4] и программы UGENE 52.1. Построение филогенетического дерева было выполнено в программе MEGA с использованием метода максимального правдоподобия (англ. «maximum likelihood») (модель JTT) и bootstrap-анализа.

Проведен анализ транскриптомов листьев *N. benthamiana*, как здоровых, так и заражённых одним из следующих вирусов растений: вирус зелёной крапчатой мозаики огурца (*Cucumber green mottle mosaic virus*, CGMMV) (SRP329809), вирус некротического пожелтения жилок сахарной свеклы (*Beet necrotic yellow vein virus*, BNYSV) (SRP018079), Y вирус картофеля (*Potato virus Y*, PVY) (SRP365980), вирус оспы сливы (*Plum pox virus*, PPV) (SRP365980) и вирус кольцевой пятнистости томата (*Tomato ringspot virus*, ToRSV) (SRP580001) (вирусы дикого типа). Данные RNA-seq были получены из базы данных NCBI SRA (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>) и предобработаны с помощью биоинформатических инструментов FastQC/MultiQC и fastp с параметрами по умолчанию. Затем производилось картирование на референсный геном с помощью STAR (параметры по умолчанию, за исключением длины прочтений), подсчёт уровня экспрессии с помощью HTSeq-count и анализ дифференциальной экспрессии с помощью пакета edgeR на языке R. В ходе анализа транскриптомных данных обнаружено, что из 36 идентифицированных генов XTH 27 меняют экспрессию в ответ на заражение растений каким-либо из вышеуказанных вирусов. Например, в ответ на заражение CGMMV изменяется экспрессия 7 генов, при инфекции BNYSV, PVY, PPV и ToRSV повышается экспрессия 15, 23, 20 и 2 генов, соответственно. Были выявлены общие гены XTH, экспрессия которых меняется при заражении разными вирусами. Например, в ответ на инфекцию и PPV, и PVY меняется экспрессия одних и тех же 18 генов, в ответ на CGMMV и PVY – 7 генов, PPV и BNYSV – 12 генов, PVY, PPV и ToRSV – 1 ген.

На основании проведенного анализа были сделаны следующие выводы: (1) геном *N. benthamiana* кодирует 36 белков, принадлежащих к семейству XTH; (2) предсказанные белки подразделяются на 2 подгруппы: группа I/II (28) и группа III (8); (2) экспрессия 27 генов семейства изменяется в листьях во время вирусной инфекции.

Таким образом, в *N. benthamiana* идентифицированы гены, кодирующие белки семейства XTH. В ходе анализа профиля экспрессии кодирующих их генов выявлены те, которые вовлечены в ответы на заражение вирусами.

Работа выполнена в рамках государственного задания, тема №125040404872-7 и №123063000010-2.

Список литературы:

1. Wu D. и др. Genome-wide identification, and phylogenetic and expression profiling analyses, of XTH gene families in *Brassica rapa* L. and *Brassica oleracea* L. // BMC Genomics. 2020. Т. 21, № 1. С. 782.
2. Ishida K., Yokoyama R. Reconsidering the function of the xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase family // J Plant Res. 2022. Т. 135, № 2. С. 145–156.
3. Fernandez-Pozo N. и др. The Sol Genomics Network (SGN)—from genotype to phenotype to breeding // Nucleic Acids Research. 2015. Т. 43, № D1. С. D1036–D1041.
4. Katoh K., Standley D.M. MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability // Mol Biol Evol. 2013. Т. 30, № 4. С. 772–780.

ПРИМЕНЕНИЕ МЕТАГЕНОМНЫХ ПОДХОДОВ ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО РАЗВИТИЯ ЖИВОТНОВОДСТВА

Дускаев Г.К.¹

**1 - ФГБНУ Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий
Российской академии наук, Оренбург, 460000, gduskaev@mail.ru**

Современное состояние использования метегеномных подходов в исследованиях микробиома пищеварительного тракта мясного скота и мясной птицы - известно, что метаболическое воздействие микробиома рубца необходимо для роста крупного рогатого скота, и изучение геномных и микробных факторов, лежащих в основе этих временных изменений, может помочь повысить эффективность конверсии корма на каждом этапе роста. Сегодня рассматривается стратегия разведения животных, основанная на микробиоме, которая потенциально улучшает состав жирных кислот в говядине. В т.ч. имеются критически важные вещества в говядине, важные для здоровья человека.

Кроме того, в связи с переоценкой метегеномных методов, а также развитием диагностических возможностей активно изучается их применение в улучшении репродуктивных показателей животных, мясных коров, профилактике и лечении респираторных заболеваний. Таким образом, микробиом крупного рогатого скота играет важнейшую роль в продуктивности животных и влияет на многие экономически значимые показатели.

Как повлиять на микробиом животного с целью увеличения его продуктивности? Одним из возможных путей является - манипулирование микробиотой рубца и нижних отделов кишечника. Изменяя микробиом рубца/кишечника изменяется перечень метаболитов для ферментации и всасывания, что в конечном итоге влияет на качество продукции.

Оценка связи между микробиомом рубца/кишечника и многими производственными характеристиками крупного рогатого скота возможно с использованием метатенномики. Сейчас имеются попытки создания эталонных метатеномов у жвачных.

В ходе нашего исследования была установлена таксономическая структура кишечного микробиома животных с разной живой массой и функциональный прогноз метаболических путей, связанных с накоплением жировой и мышечной ткани у мясного скота. Выявлено достоверное превышение доли бактерий родов *Clostridium sensu stricto*, *Clostridium XIVa* и *Theropema* у животных с низкой живой массой. Эти микроорганизмы играют важную роль в метаболизме и влияют на мясную продуктивность животных. У животных с высокой живой массой, связанные с родами *Succinivibrionaceae*, *Ruminococcaceae* и *unclassified Bacteroidales*. Так например, в наших исследованиях видим явное изменение процессов ферментации в рубце мясного скота, накопление метаболитов при разных дозах органического минерального вещества, белкового обмена, продуктов газообразования, переваримости веществ, соответственно это отражается на микробиоме кишечника.

Кормовая добавка, включающая в себя комплекс травы полыни и *Cu*, способствовала повышению в рубце представителей граммотрицательных бактерий филума *Bacteroidetes* и *Candidatus Saccharibacteria*, ферментирующих углеводы, а также увеличивших активность пищеварительных ферментов в содержимом рубца. Соотношение *Firmicutes* к *Bacteroidetes* (играет определенную роль в адипогенезе и формировании жировой ткани) составляло 3,02 в контроле, и 1,4 у бычков.

Изменение меди на кобальт выявило различия как на уровне типов, так и на уровне родов. Появились группы микроорганизмов, способных вырабатывать углеводно-активные ферменты (CAZymes), участвующих в метаболизме энергии.

Использование фитохимической добавки умбеллиферона увеличило количество бактерий филума *Bacillota* (класс *Clostridia* и *Bacilli*) и снизило относительную численность представителей филума *Pseudomonadota*, включающие в том числе патогенные и условно-патогенные бактерии.

Ванилин и кверцетин значительно уменьшает количество бактерий филума *Bacteroidota* и *Pseudomonadota*, а также увеличению численности бактерий филума *Bacillota* (включая род *Butyrivibrio* и *Pseudobutyrvibrio* - участвуют в процессе деградации клетчатки и белков, биогидрирования липидов).

По результатам 10 экспериментов на птице с применением фитохимических веществ установлено: анализ численности и совместного присутствия бактериальных таксонов в микробиомах слепой кишки бройлеров выявил две альтернативные модели:

1. с преобладанием *Bacteroidota* и пониженным альфа-разнообразием и
2. с преобладанием *Bacillota*, включающую представителей типов *Actinomycetota*, *Cyanobacteriota* и *Thermodesulfobacteriota*, с повышенными показателями биоразнообразия.

Bacillota отличались повышенным потреблением корма (особенно стартового) и конечной массой тела, а также высокими показателями индекса продуктивности, в то время как микробиомы с преобладанием *Bacteroidota* отрицательно влияли на продуктивность птицеводства.

Связь между содержанием элементов в образцах куриного мяса * и численностью бактериальных типов в микробиомах слепой кишки бройлеров

Исследование куриной печени и мяса выявило типичные составы элементов, называемые «элементами». Анализ структуры микробиома показал наличие двух различных энтеротипов, обозначенных как «паттерны микробиома». Первый был обогащён типом *Bacteroidota*, а во втором преобладали *Bacillota*. Сравнение элементов и микробиомов показало чёткое соответствие между ними. Это открытие предлагает новую стратегию для устранения дефицита или избытка определённых элементов в организме хозяина путём модуляции микробиома кишечника.

Результаты метагеномного анализа легли в основу разработки кормовых добавок, способствующих росту животных, которые направлены на стимуляцию полезных и подавление вредных бактерий, изменение ферментации в рубце/кишечнике. Соответствующие метагеномные данные могут стать инструментом для их контроля и выбора.

Список литературы:

Duskaev G.K., Deryabin D.G., Karimov I.F., Kosyan D.B., Notova S.V. Assessment of (in vitro) toxicity of quorum-sensing inhibitor molecules of *Quercus cortex*. *Journal of Pharmaceutical Sciences and Research*. 2018. Т. 10. № 1. С. 91-95. EDN: XYGPOT

Резниченко В.Г., Дускаев Г.К., Киржаев В.В. Зависимость концентрации аммиака в рубце от техники скормливания корма. *Вестник мясного скотоводства*. 2006. Т. 2. № 59. С. 42-43. EDN: UENTKX

Seidavi A., Hosseintabar-Ghasemabad B., Zigo F., Kvan O.V., Sheida E.V., Duskaev G.K. and Scanes C.G.. Molecular and Cellular Markers in Chickens Exposed to Stressors and the Ability of Feed Supplements to Overcome Negative Effects –A Review. *Annals of Animal Science, Sciend*, Vol. 25 (Issue 3), (2025) pp. 955-965. <https://doi.org/10.2478/aoas-2024-0110>

Ryazanov V., Duskaev G., Kolpakov V., Kazakova T., Marshinskaia O. and A. Ruchay. The effect of the abiotic feeding factor on the mineral metabolism in the body of bulls. *Agriculture and Natural Resources - formerly Kasetsart Journal (Natural Science)*, Volume 059, Issue 1, January 2025- February 2025, Pages 06 DOI: doi.org/10.34044/j.anres.2024.59.1.06

Deryabin D.G., Inchagova K.S., Nikonorova E.R., Karimov I.F., Duskaev G.K. Quorum Sensing in *Chromobacterium subtsugae* ATCC 31532 (Formerly *Chromobacterium violaceum* ATCC

31532): Transcriptomic and Genomic Analyses. *Microorganisms*. 2025; 13(5):1021.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms13051021>

Deryabin D, Lazebnik C, Vlasenko L, Karimov I, Kosyan D, Zatevalov A, Duskaev G. Broiler Chicken Cecal Microbiome and Poultry Farming Productivity: A Meta-Analysis. *Microorganisms*. 2024; 12(4):747. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12040747>

УДК 632.3.01/.08

КОМПЛЕКСНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОМА ВИНОГРАДА С СИМПТОМАМИ УВЯДАНИЯ

Карпова Д.В.^{1,2}, Белкина Д.Д.¹, Поротикова Е.В.¹, Юрченко Е.Г.², Виноградова С.В.^{1,2}

1 - Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук» (ФИЦ Биотехнологии РАН), Москва 119071; E-mail: info@fbras.ru

2 - ФГБНУ "Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия" (ФГБНУ СКФНЦСВВ), Краснодар 350072; E-mail: kubansad@kubannet.ru

Виноградная лоза — одно из важнейших и распространенных культурных растений, используемых для производства вин и других продуктов. Урожайность винограда и качество плодов сильно зависят от внешних факторов, таких как расположение виноградника, погодные условия, методы ведения сельского хозяйства, а также различных биотических факторов, таких как микробные патогены и эндофитный микробиом [1]. Фитопатогены винограда нарушают нормальные физиологические свойства лозы и ее жизнеспособность, что приводит к снижению урожайности и качества плодов и, таким образом, уменьшает ожидаемую экономическую отдачу от виноградника [2]. Климатические изменения значительно влияют на видовой состав фитопатогенов, ассоциированных с растениями винограда, усиливается агрессивность типичных болезней, расширяется видовой состав возбудителей, распространяются новые заболевания [3].

На коммерческих виноградниках Краснодарского края были обнаружены растения винограда с симптомами увядания неизвестной этиологии. Попытки установить этиологию заболевания классическими микробиологическими методами были безуспешными, что делает его контроль и ограничение распространения менее эффективным.

В ходе маршрутных обследований были отобраны образцы винограда с симптомами увядания и без симптомов в качестве контроля. Выделенную РНК и ДНК использовали для подготовки библиотек кДНК, 16S рРНК и ITS, которые были секвенированы на платформе Illumina. Для биоинформатического анализа библиотек использовали программное обеспечение Geneious Prime и набор плагинов Amplicon v. 2025.4 на платформе QIIME 2.

Комплексный анализ микробиома винограда сорта Красностоп золотовский с симптомами увядания, проведенный с помощью технологии высокопроизводительного секвенирования выявил ряд патогенных микроорганизмов. В виrome растений обнаружены экономически значимые grapevine leafroll-associated virus 1 (GLRaV-1) и grapevine leafroll-associated virus 3 (GLRaV-3). Все образцы имели смешанную инфекцию от 7 до 10 вирусов и вироидов.

Анализ данных ампликонного секвенирования 16S rRNA и ITS показал отсутствие в микробиоме винограда с симптомами увядания патогенных бактерий *Xylella fastidiosa* и *Xylophilus ampelinus*. Среди грибов в симптомированных лозах преобладали сапротрофные грибы родов *Alternaria*, *Stemphylium* и *Aspergillus*. Также в образцах винограда были детектированы рода *Curvularia*, *Penicillium*, *Talaromyces*, *Trichothecium*, *Fusarium*,
ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

Sarocladium, *Stachybotrys*, *Cladosporium* и *Chaetomium*. Обнаружены несколько патогенных грибов, в том числе *Sphaeropsis* spp., которые могут быть ассоциированы с симптомами увядания. Исследование показывает наличие на винограде с симптомами увядания инфекции несколькими патогенами проводящей системы, которые могут усиливать деструктивное действие друг друга. Полученные данные представляют собой ценность для ограничения распространения увядания винограда и расширяют наши знания о заболеваниях проводящей системы винограда.

Исследование выполнено на базе оборудования ЦКП «Биоинженерия» и ЭУИК (U-73547) при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант №23-16-00232) и Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

Список литературы:

1. Stranska M., Lovecka P., Vrchotova B., Uttl L., Bechynska K., Behner A., Hajslova J. Bacterial Endophytes from *Vitis Vinifera* L. – Metabolomics Characterization of Plant-Endophyte Crosstalk. Chem Biodivers 2021, 18, doi:10.1002/cbdv.202100516.
2. Coetzee B., Freeborough M.-J., Maree H.J., Celton J.-M., Rees D.J.G., Burger J.T. Deep Sequencing Analysis of Viruses Infecting Grapevines: Virome of a Vineyard. Virology 2010, 400, 157–163, doi:10.1016/j.virol.2010.01.023.
3. Anderson P.K., Cunningham A.A., Patel N.G., Morales F.J., Epstein P.R., Daszak P. Emerging Infectious Diseases of Plants: Pathogen Pollution, Climate Change and Agrotechnology Drivers. Trends Ecol Evol 2004, 19, 535–544, doi:10.1016/j.tree.2004.07.021.

MULTI-OMICS ANALYSIS REVEALS THE ACTION OF MTCLE35 GENE – NITRATE-REGULATED INHIBITOR OF SYMBIOSIS

Petrenko V. A., Rubtsova D. N., Berdigan R. D., Lebedeva M. L., Lutova L. A.
Saint Petersburg State University (SPbU), Saint Petersburg 199034, Russia,
st106188@student.spbu.ru

Legume plants have evolved a unique adaptation to nitrogen deficiency: symbiosis with nitrogen-fixing *Rhizobium* bacteria. This mutually beneficial relationship involves the bacteria converting atmospheric nitrogen into absorbable ammonia. In return, the host plant provides carbohydrates and a protected niche within specialized root organs called nodules. As both nodule development and nitrogen fixation are energy-intensive processes, legumes strictly control the number of nodules they form. A key mechanism that prevents excessive nodulation is the Autoregulation of Nodulation (AON) system, a subject of active ongoing research[1].

In the AON pathway, regulatory peptides of the CLE family function as essential mobile signals. These peptides are synthesized in the roots upon rhizobial infection and transported to the shoot via the xylem. Their gene expression is induced early in nodule development, and their overexpression potently suppresses nodule formation.

According to the scientific data, 52 genes encoding CLE peptides have been identified in the genome of the model legume *Medicago truncatula*. Of these, only two – *MtCLE12* and *MtCLE13* – have been shown to have their expression activated in response to rhizobial inoculation. The implementation of the autoregulation of nodulation (AON) signaling pathway depends on the interaction of these peptides with the SUNN receptor kinase, which is localized in the plant shoot[2].

Our laboratory has identified a novel peptide, *MtCLE35*, which acts as a negative regulator of symbiotic nodule development. *MtCLE35* overexpression was found to suppress nodulation. Its expression is induced by both rhizobial inoculation and nitrate treatment. To determine the

mechanism of suppression, a comparative transcriptomic analysis was performed[3]. We compared transgenic roots overexpressing *MtCLE35* to GUS-overexpressing control roots at 11 days post-inoculation with rhizobia. The analysis demonstrated that *MtCLE35* overexpression results in the complete inhibition of nodule formation and the significant downregulation of 1,122 genes involved in symbiosis.

Interestingly, transcriptomic analysis revealed that the overexpression of *MtCLE35* also led to the upregulation of other genes. Gene Ontology (GO) enrichment analysis indicated that these differentially expressed genes (DEGs) were significantly associated with terms such as "oxidoreductase activity," "peroxidase activity," "antioxidant activity," "heme binding," and "tetrapyrrole binding."

A comparison of DEGs upregulated in control (p35S::GUS) and *CLE35*-overexpressing roots identified eight genes, including chitinases and chalcone O-methyltransferase 1 (*ChOMT1*), involved in flavonoid biosynthesis. qPCR analysis confirmed that expression of the *Chit 2G* and *Chit 8G* chitinase genes was significantly elevated in *MtCLE35*-overexpressing plants compared to the R-108 control, indicating their regulation by the *MtCLE35* peptide. Chitinases are hydrolases that cleave chitin—a key component of fungal cell walls and arthropod cuticles—into N-acetylglucosamine oligosaccharides, serving as a well-established defense mechanism against pathogens and insects. Notably, rhizobial Nod factors, being lipochitooligosaccharides, are also potential substrates for these enzymes.

Furthermore, *MtCLE35* affected flavonoid biosynthesis genes, which are crucial for nodulation. The *ChOMT1* gene, induced by rhizobia in both control and *MtCLE35*-overexpressing roots, showed significantly higher expression in the latter upon qPCR. This suggests that *ChOMT1* upregulation may be part of a *CLE35*-mediated defense response.

According to MACE-Seq and subsequent qPCR analysis of transgenic p35S:*MtCLE35* roots inoculated with rhizobia, genes associated with reactive oxygen species production and the antioxidant system were induced in the inoculated roots overexpressing *MtCLE35*. These included thioredoxin H2 (*TRX*), *peroxidase 100*, and a gene encoding ascorbate oxidase (*ACO*). Multiple genes encoding cysteine-rich peptides, which are too activated in rhizobia-inoculated roots overexpressing *MtCLE35*, may be involved in redox homeostasis alongside thioredoxins and peroxidases. This is due to the susceptibility of the mercapto (-SH) groups of Cys residues to oxidation. Moreover, since groups of Cys-rich peptides have been reported to possess antimicrobial activity and induce plant defense responses, it could be predicted that these cysteine-rich peptide-encoding genes are part of defense mechanisms[4].

Under controlled phytotron conditions, the *MtCLE35*-oe line exhibited reddening of shoots and leaf petioles, likely due to anthocyanin accumulation. Biochemical analysis confirmed a statistically significant increase in the total content of flavonoids and anthocyanins in both roots and shoots of the *MtCLE35*-oe line compared to the R108 control line. Metabolomic profiling further revealed that *MtCLE35*-oe plants had increased amount of phenolic compounds, glycosides, and free saturated fatty acids. Conversely, the content of nitrogen-containing compounds was significantly lower in the shoots and roots of the *MtCLE35*-oe line.

Therefore, our multi-omics analysis reveals that the inhibition of nodule development caused by *MtCLE35* overexpression is linked to the activation of defense processes.

References:

1. Caetano-Anollés G., Gresshoff P.M. PLANT GENETIC CONTROL OF NODULATION // Annu. Rev. Microbiol. 1991. T. 45, № 1. C. 345–382.
2. Mortier V. и др. CLE Peptides Control *Medicago truncatula* Nodulation Locally and Systemically // Plant Physiology. 2010. T. 153, № 1. C. 222–237.
3. Lebedeva M.A., Dobychkina D.A., Lutova L.A. CRISPR/Cas9-Mediated Knock-Out of the *MtCLE35* Gene Highlights Its Key Role in the Control of Symbiotic Nodule Numbers under High-

Nitrate Conditions // IJMS. 2023. Т. 24, № 23. С. 16816.

4. Lebedeva M.A. и др. MtCLE35 Mediates Inhibition of Rhizobia-Induced Signaling Pathway and Upregulation of Defense-Related Genes in Rhizobia-Inoculated Medicago truncatula Roots // J Plant Growth Regul. 2024. Т. 43, № 12. С. 4941–4956.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ ТИХИХ ВИН И ПОТЕНЦИАЛ РЕКОМБИНАНТНЫХ БАКТЕРИОЦИНОВ ДЛЯ ПРЕДОТВРАЩЕНИЯ ИХ ПОРЧИ

**Радченко Н.В.¹, Хуснутдинова Д.Р.², Максимова К.А.², Пономарева Е.Р.²,
Дьяченко О. В.³, Радченко В. В.⁴**

*1 — Российский государственный аграрный университет –МСХА имени
К.А.Тимирязева (РГАУ-МСХА имени К.А.Тимирязева), Институт зоотехнии и
биологии, 127550, Москва, Пасечная ул., 2, zoo@rgau-msha.ru;*

*2 — Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего
образования "Казанский (Приволжский) федеральный университет" (ФГАОУ ВО
КФУ), 420008, г. Казань, ул. Кремлевская, д.18, корп.1, public.mail@kpfu.ru;*

*3 — ООО «Генетическая Экспертиза», 117279, г. Москва, ул. Миклухо-Маклая, д. 36,
корп. 1, ovdyachenko@gene-expert.ru;*

*4 — ООО «Бактериоцин», 350028, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 123, оф. 29,
vradchenko@mail.ru;*

Виноделие гармонично сочетает ряд сложных химических и биологических процессов, контролируемых микроорганизмами. На протяжении всей истории виноделы постоянно вводили в свою практику новейшие научные знания и достижения [1,2]. В настоящее время активно исследуются винные микробиомы [3]. При помощи современных методов биологии изучаются конкурентные взаимодействия внутри микробных сообществ, влияние на процессы создания вина и его качество различных факторов (характеристики почв терруаров, климатические изменения, приёмы предотвращения порчи вин и т.д.) [4]. В данном исследовании мы провели NGS-анализ образцов красных и белых тихих вин, процесс созревания которых в одних случаях развивался нормально, а в ряде других имел отклонения, связанные прежде всего с развитием уксуснокислого брожения и появлением летучих органических кислот.

В ходе проведения исследования был проведен асептический отбор образцов 16 типов красных и белых тихих вин на производственной площадке ООО "Вина Лефкадии", Краснодарский край, Крымский р-н, пос. Саук-Дере. Выделение геномной ДНК из полученных образцов проводили набором реагентов для выделения геномной ДНК «QIAamp» (Qiagen, США) согласно протоколу производителя. Метагеномный анализ образцов проводили с применением NGS. Для этого создавали библиотеки ампликонов вариантов гена 16S РНК в соответствии с протоколом (Illumina, США). Ампликоны очищали с использованием гранул AMPure XP (Beckman Coulter, США), индексацию и повторную очистку проводили согласно протоколу производителя. Концентрации полученных ПЦР-продуктов определяли количественно с помощью набора Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Scientific, США) и объединяли в эквимоллярных количествах.

Качественную проверку библиотек производили на чипе Bioanalyzer DNA 1000 Chip. Секвенирование проводили на платформе MiSeq (Illumina, США) в режиме парноконцевого чтения с длиной ридов 300 п.о. Биоинформационную обработку данных секвенирования производили с использованием программного обеспечения QIIME2 (<http://qiime2.org/>).

Метагеномный анализ консорциумов бактерий выявил микроорганизмы, относящиеся к более 230 различным семействам. При огромном разнообразии видов, подавляющая часть из них относилась к семействам *Acetobacteraceae*, *Leuconostocaceae*, *Lactobacillaceae*, *Dietziaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Rhizobiaceae*, *Bacillaceae*, *Rhodanobacteraceae* и *Weeksellaceae*. Шесть наиболее представленных видов относились к пяти родам (в порядке уменьшения представленности): *Gluconobacter*, *Acetobacter*, *Oenococcus*, *Komagataeibacter* и *Lactobacillus* (2 вида). Согласно полученным результатам, микробное сообщество вин разнообразно и отличается в зависимости от каждого конкретного вина и его состояния. У всех трех больных видов красного вина, в отличие от здорового, обнаружены микроорганизмы, относящиеся к 3 родам: *Blautia*, *Finegoldia*, *Corallococcus*. У белого вина при порче обнаружены 8 общих таксономических групп микроорганизмов: *Corynebacterium matruchotii*, *Prevotellaceae* UCG-003, *Lactobacillus iners*, *Enterobacteriaceae*, *Faecalibacterium*, *Finegoldia*, *Ornithinimicrobium*, uncultured *Ferrimicrobium*. Результаты позволяют утверждать, что заболевания вин, характеризующиеся бурным развитием уксусное-кислого брожения и появлением значительного количества летучих органических кислот коррелируют с общим снижением разнообразия бактериальных видов и замещением важных для созревания вина видов *Oenococcus oeni* и *Acetobacter* sp. видом *Gluconobacter* sp. В некоторых образцах больных и здоровых вин изменения кардинальны: общее количество *Oenococcus oeni* и *Acetobacter* sp. падает с 85% в здоровых образцах до 3-5% в больных, а количество *Gluconobacter* sp. одновременно увеличивается с 0,5% до 85%.

Данные о конкретных видах бактерий, представленность которых значительно изменяется при нарушении созревания вина и его порче, позволяют разработать таксон-специфичные праймеры для мониторинга процессов созревания и опережающего прогноза развития болезней с применением ПЦР в реальном времени. Такая методика позволяет проводить контроль производства более оперативно, постоянно и с гораздо меньшими материальными затратами.

Кроме того, анализ баз данных природных бактериоцинов [5] позволил выявить 6 соединений, относящихся к классу II (генетически-кодируемых пептидов, не требующих для реализации антимикробной активности пост-трансляционных модификаций и перестроек), потенциальными мишенями которых являются виды, вызывающие болезни вин.

Будущим развитием этого направления авторам видится: синтез генов бактериоцинов с учётом оптимальных кодонов для продукции в расах винных дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*; получение плазмидных штаммов-продуцентов и проверка их антимикробного действия на лабораторных культурах бактерий, вызывающих порчу вин; отбор наиболее перспективных соединений; создание бесплазмидных штаммов-продуцентов, путём редактирования генома дрожжей; разработка методик их применения в промышленном виноделии. Реализация этого подхода позволит улучшить качество вина и повысить объёмы его производства, а так же снизить количество диоксида серы, применяемого в качестве консерванта при виноделии.

Работа выполнена за счет средств субсидии, выделенной Казанскому федеральному университету на выполнение государственного задания в сфере научной деятельности (проект № FZSM-2023-0013).

Список литературы:

1. Belda I, Zarraonaindia I, Perisin M, Palacios A, Acedo A. From Vineyard Soil to Wine Fermentation: Microbiome Approximations to Explain the "terroir" Concept. //Front Microbiol. 2017. 8:821.
2. Liu Y, Rousseaux S, Tourdot-Maréchal R, Sadoudi M, Gougeon R, Schmitt-Kopplin P, Alexandre H. Wine microbiome: A dynamic world of microbial interactions. //Crit Rev Food Sci Nutr. 2017. 57(4):856-873.
3. Comitini F, Agarbati A, Canonico L, Ciani M. Yeast Interactions and Molecular Mechanisms in Wine Fermentation: A Comprehensive Review. //Int J Mol Sci. 2021. 22(14):7754.
4. Siren K, Mak SST, Fischer U, Hansen LH, Gilbert MTP. Multi-omics and potential applications in wine production. //Curr Opin Biotechnol. 2019. 56:172-178.
5. BACTIBASE Database <http://bactibase.ammamillab.org/main.php> (Время обращения 30.10.2025 г., 12:00)

ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОВЫХ ЦЕНТРОМЕРНЫХ ПОВТОРОВ ЛУКА РЕПЧАТОГО

Рябов О.Н.^{1,2}, Ермолаев А.С.¹, Кудрявцева Н.А.¹, Хрусталева Л.И.^{1,2}

1 - ФГБНУ «Всероссийский Научно-Исследовательский Институт
Сельскохозяйственной Биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550,
olegryabov@gmail.com

2 - Центр Молекулярной Биотехнологии, РГАУ-МСХА им. К.А.Тимирязева, Москва
127550

Центромера является специализированным хромосомным локусом, обеспечивающим правильную сегрегацию хромосом в митозе и мейозе. В большинстве эукариотических организмов центромеры содержат тандемно повторяющиеся последовательности ДНК, которые служат эпигенетической основой для сборки центромер-специфичного нуклеосомного комплекса.

У лука-батуна (*A. fistulosum*) идентифицирован универсальный центромерный маркер Af11, присутствующий во всех центромерах, а также описаны дополнительные центромерные повторы семейства Af1 (Nagaki *et al.*, 2012). В отличие от лука-батуна, центромерная организация лука репчатого (*A. cepa*) остается недостаточно охарактеризованной, что создает существенные трудности для построения интегрированных генетических и цитогенетических карт, верификации геномных сборок и проведения сравнительных геномных исследований.

На текущий момент для *A. cepa* известны лишь два центромер-специфичных маркера с ограниченным хромосомным распределением. Повтор AfCen1K локализован на четырех хромосомах (1, 4, 6, 8), а видоспецифичный повтор TR2CL137 локализуется исключительно в (пери)центромерной области шестой хромосомы и не имеет гомологов у *A. fistulosum* (Kirov *et al.*, 2020). Таким образом, для четырех из восьми хромосом *A. cepa* (2, 3, 5, 7) отсутствуют подтвержденные центромерные маркеры, что ограничивает возможности цитогенетической идентификации индивидуальных хромосом и затрудняет изучение поведения центромер в межвидовых гибридах.

Идентификация новых центромерных маркеров *A. cepa* позволит верифицировать и улучшить существующие геномные сборки путем привязки биоинформатических данных к реальной хромосомной локализации, а также использовать эти маркеры для анализа центромерной динамики в межвидовых скрещиваниях внутри рода *Allium*.

Полногеномный поиск тандемных повторов был произведен в сборке генома *Allium cepa* RDA_Ac_1.0 (GenBank: GCA_038502295.1; Cho *et al.*, 2025) с использованием

TideCluster 1.6 (<https://github.com/kavonrtep/TideCluster>) со стандартными параметрами. Кластеры предполагаемых центромерных повторов были отобраны на основании выравниваний с известными последовательностями функциональной центромеры *A. cepa* и *A. fistulosum* (Nagaki et al., 2012, Kirov et al., 2020). Выравнивание было выполнено при помощи BLAST (Altschul et al., 1990). В результате поиска были идентифицированы два кандидата в новые центромерные повторы *A. cepa* — кластеры TRC4 и TRC8. Данные повторы занимают около 0.004% (263 копии) и 0.001% (108 копий) генома и имеют длинную консенсусную последовательность мономера — 1982 bp (TRC4) и 1667 bp (TRC8). На основании результатов выравнивания было показано, что консенсусные последовательности данных повторов имеют сходство с ранее найденной последовательностью функциональной центромеры *A. fistulosum* Afi19variant3 (GenBank: AB735741, Nagaki et al., 2012) и не имеют сходства с уже известным центромерным повтором *A. cepa* — AcCen1K (GenBank: MT374061, Kirov et al., 2020). В сборке генома *A. cepa* данные повторы не показывают центромер-подобную локализацию и находятся в различных локусах псевдохромосом или нехромосомных скэффолдах.

На консенсусные последовательности повторов TRC4 и TRC8 были разработаны праймеры с использованием PrimerBLAST (Ye et al., 2012). ПЦР с разработанными праймерами показал амплификацию ПЦР-продукта ожидаемой длины — 1354 bp для TRC4 и 1509 bp для TRC8 — что подтверждает их наличие в геноме *A. cepa*.

Для подтверждения центромерной локализации найденных повторов TRC4 и TRC8 нами сначала была проведена ПЦР с использованием комбинаций праймеров, специфичных для найденных повторов, и праймеров на последовательность известной функциональной центромеры *A. cepa* Afi11 (Nagaki et al. 2012). Нами был успешно получен ПЦР-продукт ожидаемой длины, что говорит о колокализации в геноме последовательностей Afi11, TRC4 и TRC8. Для окончательного подтверждения центромерной локализации нами была проведена FISH (Fluorescence *in situ* hybridization) на метафазных хромосомах с использованием флуоресцентно меченых проб на повторы TRC4, TRC8 и Afi11. Анализ показал четкий сигнал в центромерах хромосом 5 (TRC4) и 7 (TRC8) *A. cepa*, что говорит о центромерной локализации найденных повторов, а также об их хромосом-специфичности.

В результате полногеномного поиска tandemных повторов в сборке генома *A. cepa* RDA_Ac_1.0 (GenBank: GCA_038502295.1; Cho et al., 2025) нами были идентифицированы два новых tandemных повтора — TRC4 и TRC8. ПЦР-анализ колокализации TRC4 и TRC8 с известной последовательностью функциональной центромеры Afi11 и их FISH-детекция убедительно показали центромерную локализацию данных повторов в геноме *A. cepa*. Показано, что TRC4 и TRC8 являются хромосом-специфичными повторами и находятся в центромерах хромосом 5 и 7 соответственно. Таким образом, нами были найдены два новых центромерных хромосом-специфичных повтора *A. cepa*. Данные повторы могут быть использованы в качестве цитогенетических маркеров для изучения поведения центромер в межвидовых гибридах.

Исследование было выполнено при поддержке гранта РНФ №24-76-10037.

Список литературы:

- Altschul S, Gish W, Miller W, Myers E, Lipman D. Basic local alignment search tool. 1990. 215(3):403-410.
- Kirov, I.V., Odintsov, S., Omarov, M., Gvaramiya, S., Merkulov, P., Dudnikov, M., Ermolaev, A., Van Laere, K., Soloviev, A.A., & Khrustaleva, L.I. Functional *Allium fistulosum* Centromeres Comprise Arrays of a Long Satellite Repeat, Insertions of Retrotransposons and Chloroplast DNA. 2020. 11.
- Kiseleva, A.V., Kirov, I.V., & Khrustaleva, L.I. Chromosomal organization of centromeric Ty3/gypsy retrotransposons in *Allium cepa* L. and *Allium fistulosum* L. 2014. 50(6):586-592.

- Kudryavtseva, N., Ermolaev, A., Karlov, G.I., Kirov, I.V., Shigyo, M., Sato, S., & Khrustaleva, L.I. A Dual-Color Tyr-FISH Method for Visualizing Genes/Markers on Plant Chromosomes to Create Integrated Genetic and Cytogenetic Maps. 2021. 22.
- Ermolaev, A., Kudryavtseva, N., Pivovarov, A., Kirov, I.V., Karlov, G.I., & Khrustaleva, L.I. Integrating Genetic and Chromosome Maps of *Allium cepa*: From Markers Visualization to Genome Assembly Verification. 2022. 23.
- Nagaki K, Yamamoto M, Yamaji N, Mukai Y, Murata M. Chromosome Dynamics Visualized with an Anti-Centromeric Histone H3 Antibody in *Allium*. 2012.
- Cho, H., Jung, M., Lee, S.J. *et al.* Chromosome-level genome assembly and improved annotation of onion genome (*Allium cepa* L.). 2025. 12:336.
- Ye et al.: Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction. 2012. 13:134.
- УДК: 591.471.3

СРАВНИТЕЛЬНАЯ МОРФОФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПОЗВОНОЧНОГО СТОЛБА У ЖИВОТНЫХ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ МЕХАНИЗМА СТАТО-ЛОКОМОТОРНОГО АКТА

Серая А.Д.¹, Слесаренко Н.А.¹

¹ФГБОУ ВО МГАВМиБ-МВА имени К.И. Скрябина, г. Москва, Россия

Введение

Изучение общих закономерностей и видовых особенности строения позвоночника у животных является одной из фундаментальных задач сравнительной и клинической анатомии, имеющей прикладное значение для ветеринарной медицины.

Цель исследования – представить закономерности и специфические особенности анатомического оформления позвоночника в зависимости от механизма стато-локомоторного акта у животных.

Материалы и методы исследования

Исследования выполнены на базе кафедры анатомии и гистологии животных им. профессора А.Ф. Климова. Объектами исследования служили представители семейств псовые (Canidae) (n=5), кошачьи (Felidae) (n=28), свиньи (Suidae) (n=10), полорогие (Bovidae) (n=12), енотовые (Procyonidae) (n=3), куны (Mustelidae) (n=12), зайцевые (Leporidae) (n=10). Всего изучено 89 половозрелых особей.

Использовали комплексный методический подход, включающий анатомическое макро- и микропрепарирование, функциональный анализ изучаемых структур, биомеханическое моделирование, обзорную рентгенографию, а также морфометрию с определением средних абсолютных и относительных параметров отделов позвоночного столба, статистическую обработку полученных цифровых данных по общепринятым методикам.

Результаты исследования

На основании анализа установленных морфометрических данных, выявлено, что у стопоходящих животных (представители семейств енотовые, куны) максимального линейного значения среди изучаемых отделов позвоночника имеет грудной отдел (33,83%), ему уступает хвостовой (27,82%). Показатели поясничного (15,53%) и шейного отделов (16,6%) не имеют достоверных отличий, минимальный параметр выявлен в крестцовом отделе (6,23%).

Передача двигательного импульса у стопоходящих животных — это координированный процесс, сочетающий силу мышц, жёсткость скелета и амортизацию мягких тканей для обеспечения эффективности и безопасности передвижения. Это выражается в удлинении у них, в отличие от пальцеходящих и фалангоходящих животных, фазы опоры и увеличении времени, затрачиваемом на передачу двигательного импульса.

У полустопоходящих представителей семейства зайцевых (кролик домашний и заяц-русак) установлено превосходство по параметрам относительной длины грудного отдела (34,37%), далее следует поясничный (31,4%), шейный (15,23%), хвостовой (13,14%) и крестцовый отдел (5,865%) позвоночного столба.

В отличие от стопоходящих у полустопоходящих двигательный импульс передаётся с помощью прыжковых движений, при этом ведущая роль при реализации стато-локомоторного акта принадлежит тазовым конечностям, а пальцехождение животные используют только в фазе толчка и приземления [2].

У пальцеходящих обращает на себя внимание удлинение на 9,33% у собаки и на 1,78% у кошки грудного отдела, при одновременном укорочении поясничного отдела. Однако относительный линейный параметр хвостового отдела у кошки на 6,83% выше такового у собаки, что может свидетельствовать о более активном двигательном потенциале этого отдела позвоночника у представителей кошачьих.

Пальцеходящие превосходят стопоходящих по скорости передвижения, но уступают им по устойчивости, энергоёмкости при реализации стато-локомоторного акта. Более того пальцехождение подразумевает большую гибкость стопы и пальцев, а также повышенную способность к сложным маневренным элементам двигательного акта [1].

Таким образом, у пальцеходящих передача импульса оптимизирована для обеспечения скоростных качеств и бесшумного передвижения. Это достигается за счёт рычажного механизма конечности, концентрации силовой нагрузки на дистальные отделы конечностей с развитием в этой области мощной амортизационной системы.

У представителей семейства свинных (свинья домашняя и кабан), при изучении соотносительного развития отделов к общей длине позвоночного столба установлено превосходство показателей грудного отдела свиньи на 3,22%, в сравнении с кабаном. Нельзя исключить, что данная тенденция может быть обусловлена направлением селекционно-племенной работы, ориентированной на повышение прироста живой массы в условиях промышленного мясного свиноводства [3].

Близкородственные представители семейства полорогих (овца домашняя и коза домашняя) обладают относительными линейными параметрами отделов, которые уменьшаются в следующей последовательности: грудной, шейный, поясничный, хвостовой и крестцовый.

Однако у козы шейный, грудной, поясничный и крестцовый отделы относительно длиннее, чем у овцы. Нельзя исключать, что это может быть связано с экстерьерными показателями изучаемых представителей козых: более вытянутым корпусом и удлиненными конечностями у козы, по сравнению с овцой, что инициирует увеличение у неё линейных параметров шеи для поддержания баланса и мобильности.

Фалангоходящие (представители семейств свинные и полорогие) лидируют по длине шейного (22,19%), грудного (35,24%), крестцового отделов (8,95%) среди сравниваемых нами животных различных таксономических категорий.

Выводы

Установлены общие закономерности и видовые особенности строения костного остова позвоночника животных различных таксономических групп. Представлено научное обоснование видовых и внутривидовых особенностей соотносительного распределения отделов позвоночного столба у изучаемых животных. При этом показано, что локомоторная специализация животных (стопохождение, пальцехождение, фалангохождение), связанная

с биодинамическим фактором, определяет видовые анатомические признаки позвоночника в целом и соотносительные показатели его отделов.

Список литературы:

1. Обухова, М. Е. Морфофункциональное обоснование факторов риска повреждений позвоночника у собак: специальность 06.02.01 "Диагностика болезней и терапия животных, патология, онкология и морфология животных" : автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук / Обухова Мария Евгеньевна. – Москва, 2015. – 22 с. – EDN ZPPBGR.

2. Плешаков, Ф. Д. Влияние локомоторной специализации на биомеханические показатели костного остова тазовой конечности у зайцеобразных / Ф. Д. Плешаков, Н. А. Слесаренко, А. Д. Шалаева // Актуальные проблемы ветеринарной медицины, зоотехнии, биотехнологии и экспертизы сырья и продуктов животного происхождения : Сборник трудов 4-й Научно-практической конференции, Москва, 16 мая 2025 года. – Москва: Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии - МВА им. К.И. Скрябина, 2025. – С. 156-157. – EDN VYJWRG.

3. Шалаева, А. Д. Сравнительная морфофункциональная характеристика позвоночного столба у животных в зависимости от их локомоторной специализации / А. Д. Шалаева, Н. А. Слесаренко, Ф. Д. Плешаков // Морфология в XXI веке: теория, методология, практика : Сборник трудов Международной научно-практической конференции, Москва, 24–25 апреля 2025 года. – Москва: Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии - МВА им. К.И. Скрябина, 2025. – С. 216-218. – EDN XMZGXN.

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНА ЛЕПТИНА НА ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫЕ ПРИЗНАКИ КОРОВ МОЛОЧНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ

Зими́на А.А., Рома́ненкова О.С.

**«Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика
Л. К. Эрнста» (ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста), 142132, Россия, Московская
область, городской округ Подольск, п. Дубровицы, дом 60,
filipchenko-90@mail.ru**

Лептин - это цитокиновый белок, состоящий из 167 аминокислот, включая 21 в сигнальной последовательности [1]. У крупного рогатого скота он расположен на 4-й хромосоме, является высокополиморфным и содержит около 60 однонуклеотидных замен, преимущественно в интронах [2].

Считается, что лептин обладает плеiotропным воздействием на организм. Лептин регулирует пищевое поведение, влияет на функционирование иммунной системы и репродуктивную функцию, а также на рост и конституцию животных [3]. Основная физиологическая роль лептина – увеличение затрат энергии. Выделение лептина регулируется гипоталамусом [4].

Лептин интересен для селекции тем, что во многом определяет молочную и мясную продуктивность скота, содержание белка и жира в молоке, связан с продуктивным долголетием сельскохозяйственных животных [5-10].

Целью исследования было изучение полиморфизма гена лептина rs29004508, C/T (далее *LEP-1*) и rs29004488, C/T (далее *LEP-2*) на продуктивность коров голштинской породы.

В качестве материала для исследования использовались образцы ткани (ушной выщип) 184 коров голштинской породы из племенного завода Краснодарского края с диапазоном дат рождения 2010-2018 гг. В основу моделирования тест-системы, предназначенной для детекции полиморфизмов гена *LEP* был положен метод ПЦР-РВ. Дизайн разработанных тест-систем подразумевал использование для каждого локуса набора из двух специфических праймеров и двух аллель-специфичных зондов с флуоресцентной меткой. Генотипирование выполняли на приборе QuantStudio 5 («Thermo Fisher Scientific», США).

Проведенная оценка частот генотипов и аллелей демонстрировала, что по полиморфизму локуса *LEP-1* у коров генотип СТ встречался чаще генотипов СС (37,5%) и ТТ (13,5%) и составлял 49%, а по полиморфизму локуса *LEP-2*, наоборот, животные с генотипом СС превалировали на 4,8-38,6 % по сравнению с генотипами СТ и ТТ. Частота встречаемости аллеля С была выше частоты аллеля Т на 0,240 по локусу *LEP-1* и 0,386 по локусу *LEP-2*.

Полученные данные в ходе работы показали, что коровы с генотипом СТ (*LEP-1*) имели более поздний возраст первого отёла – 31 мес., но при этом достоверно более высокий удой – 8320 кг и количество белка (276 кг) в последнюю законченную лактацию по сравнению с другими животными.

По полиморфизму локуса *LEP-2* коровы с генотипом СС отличались достоверно высоким содержанием жира в молоке за первую лактацию 3,44 % и характеризовались большей продолжительностью продуктивного использования (2,9 лакт.). Генотип СТ оказался ассоциирован с большей живой массой 510 кг у коров ($P \leq 0,90$).

Таким образом, проведённый анализ выявил достоверную связь полиморфизма гена лептина с ключевыми продуктивными и воспроизводительными качествами коров.

Это создает основу для управления генетической структурой популяции через контролируемый подбор пар в селекционных программах.

Список литературы

1. Komisarek, J. Impact of LEP and LEPR gene polymorphisms functional traits in Polish Holstein Friesian cattle / J. Komisarek // *Animal Science Paper and Reports*. 2010. Vol. 10. P. 133–141.
2. Stone RT, Kappes SM, Beattie CW. The bovine homologue of the obese gene maps to chromosome 4. *Mamm Genome*. 1996;7(5):399-400. doi: 10.1007/s003359900119.
3. Rambachan, Nigam, R., Pandey, V., Singh, P., Singh, S. P., & Sharma, D. (2017). Genetic polymorphism of leptin gene in relation with reproduction traits in Haryana cows. *Journal of Animal Research*, 7(3), 425-429. <https://doi.org/10.5958/2277-940X.2017.00063.8>
4. Giblin L, Butler ST, Kearney BM, Waters SM, Callanan MJ, Berry DP. Association of bovine leptin polymorphisms with energy output and energy storage traits in progeny tested Holstein-Friesian dairy cattle sires. *BMC Genet*. 2010 Jul 29; 11:73. doi: 10.1186/1471-2156-11-73. PMID: 20670403; PMCID: PMC2920856.
5. Čítek J, Brzáková M, Hanusová L, Hanuš O, Večerek L, Samková E, Křížová Z, Hoštičková I, Kávová T, Straková K, Hasoňová L. Gene polymorphisms influencing yield, composition and technological properties of milk from Czech Simmental and Holstein cows. *Anim Biosci*. 2021 Jan; 34(1):2-11. doi: 10.5713/ajas.19.0520. Epub 2020 Jan 13. PMID: 32054154; PMCID: PMC7888502.
6. Tahir M. Akhmetov, Natalia Yu. Safina, Azat M. Alimov and Margarita I. Varlamova. Genetic parameters of milk productivity for three lactations of Holstein cattle with different genotypes of LEP gene. *BIO Web Conf*. Volume 27, 2020. International Scientific-Practical Conference “Agriculture and Food Security: Technology, Innovation, Markets, Human

Resources” (FIES 2020). BIO Web of Conferences 27, 00061 (2020). DOI <https://doi.org/10.1051/bioconf/20202700061>.

7. Ярышкин А.А., Шаталина О.С., Лешонок О.И., Ковалюк Н.В. Влияние полиморфизма гена лептина на хозяйственно-полезные признаки крупного рогатого скота // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. - 2022. - № 1 (93). - С. 260-264.

8. Гайнутдинова Э.Р. Влияние полиморфизма гена лептина (LEP) на молочную и мясную продуктивность коров первотелок голштинской породы / Э.Р. Гайнутдинова, Н.Ю. Сафина, Ш.К. Шакиров, М.И. Варламова // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. - 2021. - Т. 245. - № 1. - С. 24-28.

9. Варламова М.И., Шакиров Ш.К., Сафина Н.Ю. Полиморфизм гена лептин голштинской породы крупного рогатого скота // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. 2020. № 3 (47). С. 3–6.

10. Парамонова М.А., Валитов Ф.Р., Ганиева И.Н., Кононенко Т.В. Ассоциация полиморфизма гена лептина с хозяйственно полезными признаками крупного рогатого скота чёрно-пёстрой породы // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2023. № 1 (99). С. 277 – 283. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2023-99-1-277-283>.

ЭНДОФИТНЫЕ БАКТЕРИИ ТОПОЛЯ БЕЛОГО (POPULUS ALBA): ВЫДЕЛЕНИЕ, ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ И ОЦЕНКА БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА

Богданова А.С.^{1,2}, Гладыш Н.С.¹, Кудрявцева А.В.¹

1 - Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

2 - Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики»

Тополь является перспективной культурой для биоэкономики, однако его продуктивность ограничена стрессовыми факторами. Эндوفитные бактерии представляют особый интерес для разработки биопрепаратов, поскольку тесно ассоциированы с растением-хозяином и могут напрямую влиять на его устойчивость. Изучение микробиома отечественных популяций тополя белого актуально для создания эффективных средств биоаугментации.

Ключевые слова: *Populus alba*, эндوفитные бактерии, геномный анализ, азотфиксация, вторичные метаболиты, биотехнологический потенциал.

Материалы и методы:

Источник изоляции: корни взрослых деревьев *P. alba*, собранные в различных географических точках европейской части России и Северного Кавказа

Стерилизация поверхности: последовательная обработка PBS + Tween-20, 70% этанолом, гипохлоритом натрия (2,5%) с последующей отмыжкой

Культивирование: выделение на среде LB при +20°C с последующим получением чистых культур

Характеризация:

- Тестирование азотфиксирующей активности на средах Эшби и Доберейнера
- Оценка сахаролитической активности с использованием бромтимолового синего
- Полногеномное секвенирование на платформе Illumina MiSeq

- Биоинформатический анализ: сборка SPAdes, аннотирование DFAST и PGAP, поиск кластеров вторичного метаболизма (antiSMASH)

Результаты и обсуждение.

1. *Коллекция штаммов*: получено 60 чистых бактериальных культур, из которых 19 прошли полногеномное секвенирование

2. *Таксономическое разнообразие*: выявлены представители филумов Bacillota, Actinomycetota и Pseudomonadota, включая:

- *Bacillus cereus*, *B. bombysepticus*
- *Peribacillus frigoritolerans*
- *Pseudomonas koreensis*, *P. canadensis*
- *Staphylococcus haemolyticus*, *Micrococcus luteus*
- *Kocuria rosea*, *Corynebacterium amycolatum*

3. *Функциональный потенциал*:

Азотфиксация: все протестированные штаммы demonstrated способность к росту на безазотистых средах

Сахаролитическая активность: большинство штаммов эффективно утилизировали глюкозу, сахарозу, галактозу

Биосинтез вторичных метаболитов: выявлены кластеры генов, ответственные за синтез:

- Сидерофоров (петробактин, бациллибактин, шизокинин)
- Противогрибковых соединений (коранимин, ϵ -поли-L-лизин)
- Антимикробных веществ (термоактиноамид A)

4. *Биоремедиационный потенциал*: обнаружены гены систем транспорта и детоксикации тяжелых металлов (Co^{2+} , Ni^{2+} , Zn^{2+} , Cd^{2+})

Выводы.

1. Разработан эффективный протокол выделения и культивирования эндофитных бактерий из тканей тополя белого

2. Сформирована коллекция штаммов с доказанной способностью к азотфиксации и синтезу биологически активных соединений

3. Геномный анализ revealed наличие генетических детерминант, определяющих потенциал штаммов как агентов биоконтроля и биоремедиации

4. Выделенные штаммы представляют практический интерес для создания:

- Консорциумов для повышения стрессоустойчивости тополя
- Биопрепаратов для фиторемедиации загрязненных территорий
- Средств биоконтроля фитопатогенов

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГИБРИДОВ ТОПОЛЯ БЕЛОГО И ОСИНЫ (*POPULUS ALBA* × *P. TREMULA*) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP- ПРОФИЛИРОВАНИЯ

Гладыш Н.С.¹, Краснов Г.С.¹, Попченко М.И.², Кудрявцева А.В.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, Россия;

²Институт географии РАН, Москва, Россия.

natalyagladish@gmail.com

Тополь белый (*Populus alba* L.) – вид древесных растений, широко распространенный на территории России и представляющий интерес в лесотехнической деятельности. В нашей стране произрастает также межвидовой гибрид тополя белого и осины (*P. tremula* L.), называемый тополем сереющим (*P. × canescens* (Aiton) Sm.). Идентификация гибридов затруднительна в связи с отсутствием характерных морфологических признаков. Морфологическая идентификация осложняется наличием полиплоидии и возвратных скрещиваний. Решением этой проблемы может послужить секвенирование генома тополя с низким покрытием, позволяющее охватить большое количество однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), благодаря идентификации которых можно оценить видовую принадлежность растения с высокой степенью достоверности.

В данной работе выполнено полногеномное секвенирование 5 образцов потенциальных гибридов *P. alba* × *P. tremula* на платформе Illumina (США). Далее проведено картирование (BWA-MEM) полученных данных WGS и симулированных прочтений из сборок белого тополя, осины и их гибридов (NCBI:GCF_005239225, GWH:GWHAAP00000000, PlantGenIE:Potra_w52 и др.), полученных при помощи wgsim. В качестве референса также выступал геном белого тополя (GCF_005239225). Поиск SNP осуществлялся freeBayes только в области экзонов генов (с целью сокращения числа SNP и времени анализа). Были выделены замены, характерные для осины (встречающихся в виде гомозиготы в референсном геноме осины и в виде гетерозиготы в референсных геномах гибридов). Далее для этих замен для различных образцов была оценена доля прочтений, содержащих замену. В результате анализа четыре образца были классифицированы как триплоидные гибриды *P. alba* × *P. tremula* (в соотношении 2:1) и один образец – как триплоидный гибрид *P. alba* × *P. tremula* (в соотношении 1:2). Эти образцы выделялись в отдельный кластер на дендрограммах генетической близости (построенных методами UPGMA и NJ на основе профилей SNP) при совместном анализе с 50 образцами белого тополя, произрастающего в России.

Один из образцов, включенных в анализ, по морфологическим критериям ранее был идентифицирован как гибрид, однако не обладает SNP-профилем, присущим гибридам белого тополя и осины. Этот результат демонстрирует недостаточную информативность, и подчас размытость, морфологических критериев определения гибридов. Тем самым становится очевидна необходимость проведения дополнительных генетических исследований для определения видовой принадлежности интересующих деревьев, по фенотипу соответствующих белым тополям.

СТГА: ЦИФРОВАЯ ПЛАТФОРМА, ПОСВЯЩЁННАЯ ФУНКЦИОНАЛЬНОЙ ГЕНОМИКЕ CYAMOPSIS TETRAGONOLOBA

Зорин Е. А.^{1,2}, Вишнякова М. А.^{1,2}, Жуков В. А.^{1,2}

1 – ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт
генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург,
190000, ezorin@arriam.ru

2 – ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной микробиологии (ФГБНУ ВНИИСХМ), Санкт-Петербург,
196608

В последние десятилетия, благодаря развитию методов секвенирования нового поколения, из малоизученной сельскохозяйственной культуры гуар превратился в неплохо
ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

охарактеризованный вид. В первых исследованиях успешно идентифицировали ключевые гены, связанные с биосинтезом галактоманнана, разработали обширную коллекцию молекулярных маркеров и создали сборку генома на уровне хромосом. Однако полный потенциал полученных результатов еще не реализован в полной мере, поскольку их доступность и интеграция требуют значительных биоинформатических навыков, что создаёт барьер для многих исследователей и селекционеров. Наше исследование было направлено на решение этой проблемы.

Мы разработали комплексный геномный ресурс для *Cyamopsis tetragonoloba*, который включает структурную и функциональную аннотацию с обширным экспрессионным атласом и доступен через удобный веб-интерфейс. Высококачественное *de novo* предсказание генов, выполненное с помощью BRAKER2 и подтвержденное высоким показателем полноты через BUSCO (97.5%), обеспечивает точный и надежный набор генов для анализа. Предсказание нетранслируемых регионов (UTR) крайне важно для изучения пост-транскрипционной регуляции и исследований, основанных на технологии секвенирования 3'-MACE. Предсказанные гены, в итоге, охватили все основные функциональные категории Mercator4, что указывает как на успешное предсказание генов, так и на высокое качество аннотации.

Ценность аннотации генома значительно возрастает при понимании условий и тканей, в которых гены экспрессируются. Построенный нами экспрессионный атлас, основанный на 85 общедоступных RNA-seq библиотек, охватывающих различные ткани и условия развития, предоставляет беспрецедентный обзор ландшафта транскриптома гуара. Четкое разделение образцов по условиям эксперимента, генотипам и тканям в анализе главных компонент (PCA) подчеркивает высокое качество полученного набора данных и возможность сравнивать экспрессию генов, не принимая во внимание такие факторы, как различные запуски секвенирования и различия в экспериментальных условиях.

Благодаря интеграции интерактивного геномного браузера IGV, BLAST-сервиса и мгновенной визуализации профилей экспрессии и функциональных аннотаций, сервис позволяет исследователям отказаться от использования инструментов командной строки и локальной обработки данных.

По нашему мнению, инструменты, предоставляемые этим ресурсом, обладают потенциалом для значительного расширения исследовательских возможностей в области биологии гуара. Упрощая точный геномный анализ без необходимости навыков программирования, инструмент для извлечения последовательностей (Sequence Extractor) позволяет исследователям быстро получать специфические последовательности экзонов, интронов и межгенных регионов, что позволяет им планировать эксперименты и характеризовать гены. Инструмент для анализа функционального обогащения в терминах Gene Ontology помогает выявлять ключевые биологические процессы и функции, связанные, например, с устойчивостью к стрессу или созреванию семян у гуара. Тепловые карты, который пользователь может генерировать при помощи нашего сервиса, позволяют выявлять тенденции в паттернах экспрессии генов, а кластеризация генов на основе этих паттернов позволяет определять их общие пути регуляции и связь с физиологическими процессами. Вместе эти инструменты делают сложные геномные и транскриптомные данные более доступными и интерпретируемыми для исследователей, способствуя лучшему пониманию физиологических механизмов и процессов развития растений. Разработанный ресурс доступен он-лайн по адресу <https://guar.arriam.ru/>.

Работа поддержана Российским Научным Фондом: No. 23-16-00195

ОСОБЕННОСТИ МЕТИЛИРОВАНИЯ LTR-РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ ПОДСОЛНЕЧНИКА

М.Ю. Казанцев^{1,2}, К.Н. Тюрин^{1,2}, П.Ю. Меркулов^{1,2}, И.В. Киров^{1,2}.

1 - ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва
127550; E-mail: iab.@iab.ac.ru

2 – ФГАОУВО «Московский физико-технический институт
(национальный исследовательский университет)», Долгопрудный 141701;
E-mail: info@mipt.ru

Мобильные элементы (МЭ) составляют ~75% генома подсолнечника *Helianthus annuus* L. [1]. Среди МЭ растений наиболее распространённым классом являются LTR-ретротранспозоны (LTR-RT). LTR-RT способны перемещаться по типу copy-paste в геноме, генерировать инсерции, дестабилизировать структуру генома, поэтому LTR-RT являются мишенью для систем эпигенетического подавления путем метилирования цитозина по трём контекстам CG, CHG и CHH (где H = T, C, A) [2].

Мы провели полногеномное нанопоровое секвенирование ДНК и кДНК подсолнечника. В результате мы получили данные о метилировании полноразмерных LTR-ретротранспозонов линий Tork, Tekay, TAR, SIRE, Retand, Ivana, Ikeros, Bianca, Athila, Angela, Ale в геноме подсолнечника.

С помощью кластеризации мы зафиксировали значительные различия паттернов метилирования внутри линий LTR-RT, а не только между ними. Наибольшие различия были зафиксированы в метилировании CG-мотива.

Линии Tekay и Athila были метилированы асимметрично по трём контекстам.

Для линии Tork было выявлено значительное снижение метилирования CG-мотива на протяжении большей части тела транспозонов, с повышением на границах. Такой паттерн выражен особенно у кластера транспозонов расположенных в не генных участках генома.

Сравнение метилирования Tork у *H. annuus* L. и *A. thaliana*, показало сходство в паттернах метилирования. При этом другие линии транспозонов *A. thaliana* демонстрировали меньшие различия внутри линий, чем такие же линии у *H. annuus*.

Транскриптомный анализ не выявил активной транскрипции полноразмерных LTR-RT.

Список литературы:

1. Badouin, H., Gouzy, J., Grassa, C. *et al.* The sunflower genome provides insights into oil metabolism, flowering and Asterid evolution. *Nature* **546**, 148–152 (2017). <https://doi.org/10.1038/nature22380>
2. Slotkin, R., Martienssen, R. Transposable elements and the epigenetic regulation of the genome. *Nat Rev Genet* **8**, 272–285 (2007). <https://doi.org/10.1038/nrg2072>

ОСОБЕННОСТИ МИКРОБИОМА ЭНДОМЕТРИЯ КОРОВ В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ СОДЕРЖАНИЯ

Ключникова И.А., Ёылдырым Е.А.

ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»
(ФГБОУ ВО СПбГАУ), Санкт-Петербург, Пушкин 196601; E-mail:
klyuchnikova.irinaa@yandex.ru

Состояние микробиоты репродуктивного тракта является одним из ключевых факторов, определяющих здоровье матки, успешное оплодотворения и течение послеродового периода у крупного рогатого скота [1-3]. Дисбаланс микробных сообществ эндометрия нередко ассоциируется с развитием эндометрита и снижением репродуктивной функции [4, 5]. Влияние технологических условий содержания, рациона и экологических факторов на состав микробиома остаётся актуальной темой исследований. Настоящая работа направлена на сравнительный анализ структуры микробиома эндометрия у коров, содержащихся в различных условиях – промышленной фермы и экофермы.

Материалы и методы. Материалом для исследования служили образцы соскобов с эндометрия и владалища (n=3), полученные от клинически здоровых животных и коров с клиническим или субклиническим эндометритом. Отбор проб проводился на различных физиологических этапах: ранний сухостой, 10–15 суток до отёла (поздний сухостой), момент отёла, а также 3, 5–7 и 20 суток после отёла.

Для анализа проводили выявление микробиологических маркеров здоровья и патологии репродуктивной системы коров. Тотальную ДНК из образцов выделяли с использованием набора Genomic DNA Purification Kit («Thermo Fisher Scientific, Inc.», США). Состав бактериального сообщества оценивали методом NGS-секвенирования.

Результаты и обсуждения. При проведении NGS-секвенирования в составе микробиома эндометрия у коров из всех групп в условиях промышленной фермы присутствовало 6 атрибутируемых бактериальных филума и суперфилумов (*Firmicutes*, *Fusobacteriota*, *Bacteroidota*, *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Campilobacterota*) и 1 некультивируемый. В условиях экофермы определены 8 атрибутируемых филумов, среди которых преобладали *Proteobacteria*, *Firmicutes* и *Actinobacteriota*, а также один некультивируемый.

На промышленной ферме доля *Fusobacteriota* в образцах животных с клиническим и субклиническим эндометритом достигала до 68,2 % в период 5 суток после отёла, что значительно превышало аналогичный показатель у здоровых животных. Одновременно наблюдалось снижение относительного содержания *Firmicutes*. В экоферме, напротив, *Firmicutes* занимали ведущее положение в микробиоме, что коррелировало с отсутствием клинических признаков воспаления. Кроме того, установлено, что у клинически здоровых животных из промышленной фермы в раннем сухостое доля *Fusobacteriota* была достоверно выше, чем за 10-15 суток до отёла.

Так результаты исследования подтверждают, что условия содержания оказывают значимое влияние на формирование микробиома эндометрия. В промышленной среде, характеризующейся повышенной бактериальной нагрузкой, стрессовыми факторами и возможными нарушениями микроклимата, происходит смещение микробного профиля в сторону условно-патогенных таксонов, в частности *Fusobacteriota*. Представители данного филума, включая род *Fusobacterium*, известны как потенциальные патогены, участвующие в развитии воспалительных процессов матки.

В свою очередь, доминирование *Firmicutes* в микробиоме животных экофермы может свидетельствовать о стабилизирующем влиянии данного таксона, поддерживающего нормальное микробное сообщество и препятствующего колонизации эндометрия патогенами. Высокая доля *Actinobacteriota* в экофермах также может быть связана с более сбалансированным метаболическим статусом и благоприятными условиями микробного взаимодействия.

Таким образом, выявленные различия отражают не только различие в санитарно-гигиенических условиях, но и в уровне физиологической устойчивости животных к воспалительным процессам.

Закключение. Проведённый сравнительный анализ показал, что структура микробиома эндометрия коров существенно зависит от условий содержания. В условиях

промышленной фермы наблюдается рост доли *Fusobacteriota* и снижение *Firmicutes*, что ассоциируется с развитием эндометрита. В экофермах доминирование *Firmicutes* и *Actinobacteriota* может рассматриваться как признак микробиологического благополучия. Данные результаты подтверждают необходимость учёта микробиологических показателей в программах профилактики и мониторинга репродуктивного здоровья коров.

Благодарности. Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ №24-16-00131.

Список литературы:

- 1 Wang M.L. Uterine Microbiota of Dairy Cows With Clinical and Subclinical Endometritis / M.L. Wang, M.C. Liu, J. Xu et al. // *Frontiers in Microbiology*. 2018; 9:2691. DOI: 10.3389/fmicb.2018.02691.
- 2 Souza A.K. Investigation of the vaginal microbiota of dairy cows through genetic sequencing of short (Illumina) and long (PacBio) reads and associations with gestational status / A.K. Souza, A.F. Zangirolamo, R.G. Droher et al. // *PLOS ONE*. 2023; 18(8):e0290026. DOI: 10.1371/journal.pone.0290026.
- 3 Sheldon I.M. Defining postpartum uterine disease and the mechanisms of infection and immunity in the female reproductive tract in cattle / I.M. Sheldon, J.G. Cronin, L. Goetze, et al. // *Biology of Reproduction*. 2009; 81(6):1025-1032. DOI: 10.1095/biolreprod.109.077370.
- 4 Adnane M., Chapwanya A. Role of Genital Tract Bacteria in Promoting Endometrial Health in Cattle. *Microorganisms*. 2022; 10(11):2238. DOI: 10.3390/microorganisms10112238.
- 5 Azawi O.I. Postpartum uterine infection in cattle. *Animal Reproduction Science*. 2008; 105:187-208. DOI: 10.1016/j.anireprosci.2008.01.010.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА И ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ФУЗАРИОЗОВ ЗЕРНОБОБОВЫХ КУЛЬТУР

Лап Л.К.¹, Шингалиев А. С.¹, Дудников М.В.¹

**1 - ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ВНИИСБ), Москва, 127500. E-mail:
iab@iab.ac.ru**

Фузариоз — это группа заболеваний растений, вызываемых микроскопическими грибами рода *Fusarium*. Возбудители поражают широкий спектр культур, включая зерновые, овощные, подсолнечник и сою. Грибы *Fusarium* вызывают корневые гнили, сосудистое увядание, поражение стеблей, листьев и семян, что приводит к угнетению роста, снижению урожайности и качественных показателей продукции. Кроме того, они способны синтезировать микотоксины, опасные для человека, животных и семенного материала.

Для сои фузариоз представляет особую опасность, вызывая корневые гнили и сосудистое увядание, снижение всхожести и массовую гибель растений. В условиях изменяющегося климата и интенсивного земледелия фузариозные болезни сои становятся всё более актуальной проблемой, требующей углублённого изучения и разработки эффективных методов молекулярной диагностики. При этом сведения о возбудителях фузариозов зернобобовых культур, особенно на территории России, крайне ограничены, что подчёркивает необходимость проведения молекулярных исследований и уточнения видового состава патогенов.

Однако изучение фузариозов затруднено из-за высокой морфологической и генетической изменчивости грибов рода *Fusarium*. Их колонии и споры меняют форму и

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

окраску в зависимости от условий культивирования, а многие близкородственные виды морфологически почти неразличимы. Кроме того, в составе рода выделяют многочисленные видовые комплексы (*F. oxysporum*, *F. solani*, *F. fujikuroi* и др.), внутри которых различия проявляются только на молекулярном уровне. Это делает классические методы определения ненадёжными.

В связи с этим в последние годы молекулярные методы стали основным инструментом для определения видовой принадлежности изолятов. В исследовании использованы образцы грибов рода *Fusarium* из коллекции ФГБУ «ВНИИКР». Из мицелия изолятов выделена геномная ДНК. Амплификация и секвенирование проведены по участкам генов *RPB2* (вторая по величине субъединица РНК-полимеразы II) и *TEF1-α* (фактор элонгации трансляции 1-альфа), рекомендованных для видовой дифференциации внутри рода *Fusarium*. Полученные последовательности выровнены и проанализированы в программах MEGA и BioEdit; сопоставление с эталонными данными из GenBank и FusariumID.org подтвердило корректность идентификации и позволило построить филогенетические деревья, отражающие видовую структуру исследованных изолятов.

В ходе молекулярно-генетической идентификации изоляты рода *Fusarium*, выделенные из поражённых образцов зернобобовых культур, были отнесены к нескольким видам и видовым комплексам. Изоляты *F. graminearum* и *F. sporotrichioides* принадлежат к комплексу *F. sambucinum* (FSAMSC, включая *F. graminearum species complex*, FGSC); *F. avenaceum*, *F. acuminatum* и *F. torulosum* — к комплексу *F. tricinctum* (FTSC); *F. ipomoeae*, *F. serpentinum* и *F. scirpi* — к комплексу *F. incarnatum–equiseti* (FIESC). Наиболее опасными фитопатогенами, обладающими высокой вирулентностью и способностью продуцировать микотоксины, являются *F. graminearum*, *F. sporotrichioides* и *F. avenaceum*. Остальные виды, преимущественно (*F. acuminatum*, *F. torulosum*, *F. diversisporum*, *F. ipomoeae*, *F. scirpi*), относятся к слабопатогенным или вторичным паразитам, участвующим в формировании смешанных фузариозных комплексов.

Следует отметить, что для некоторых видовых комплексов, в частности *F. incarnatum–equiseti* (FIESC) и *F. tricinctum* (FTSC), использование только маркеров *TEF1-α* и *RPB2* оказалось недостаточным для надёжного разграничения близкородственных видов. Согласно рекомендациям базы данных Fusarium.org, для более точной идентификации штаммов этих комплексов требуется дополнительное типирование по участкам *RPB1*, *βtubulin* (*TUB2*), *calmodulin* (*CaM*). Полученные результаты подтверждают видовую неоднородность популяций *Fusarium* и необходимость дальнейших исследований для уточнения их фитопатогенного и токсикологического потенциала.

ВСПЛЕСК РЕТРОТРАНСПОЗИЦИИ У NICOTIANA BENTHAMIANA В ОТВЕТ НА ВИРУСНУЮ ИНФЕКЦИЮ

Меркулов П.Ю.^{1,2}, Болотина А.А.¹, Перевозчиков Д.В.¹, Прокофьева А.И.¹, Власова А.В.^{1,2}, Ивахненко А.С.¹, Камараули Е.Д.¹, Ухолкина Е.Д.³, Киров И.В.^{1,2}

1 - Московский физико-технический институт, Долгопрудный, Россия

**2 - Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,
Москва, Россия**

3 - Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Национальный исследовательский университет «Высшая школа экономики»

На протяжении эволюции Растения развили сложные механизмы подавления экспрессии РНК, обеспечивающие защиту от вирусов и мобильных элементов, включая ретротранспозоны. Их активность контролируется путями посттранскрипционного подавления генов (англ. Post-Transcriptional Gene Silencing, PTGS) и РНК-направленного метилирования ДНК (англ. RNA-directed DNA Methylation, RdDM). У растений с дефектами RdDM наблюдается повышенная чувствительность к вирусным инфекциям и повышенная транспозиция мобильных элементов [1]. При заражении вирусом погрешности табака (англ. Tobacco Rattle Virus – TRV) может происходить транскрипционная активация ретротранспозонов из-за дерегуляции их контроля [2]. Уровень таких изменений и масштаб транскрипционного репрограммирования зависят от степени адаптированности вирусного штамма к конкретному виду растения [3]. Также известно, что кооптация защитными генами последовательностей LTR (англ. Long Terminal Repeat), содержащих *cis*-регуляторные элементы, может приводить к активации ретротранспозонов при биотических стрессах [4]. Несмотря на выявленные связи, активация мобилома в ответ на вирусную инфекцию остаётся малоизученным феноменом.

Для изучения реакции мобилома на вирусную инфекцию проанализировали изменения экспрессии LTR-ретротранспозонов (LTR-PT) у *Arabidopsis thaliana*, *Brassica napus* и *Nicotiana benthamiana*. Растения заражали путём агроинфильтрации с использованием бинарных векторов, содержащих геномные последовательности вирусов TRV, PVX (англ. Potato Virus X) и TRSV (англ. Tomato Ringspot Virus) под контролем промотора 35S. Через 14 дней отбирали системные листья, системное распространение вирусов подтверждали ОТ-ПЦР. Для *N. benthamiana* дополнительно выделяли внехромосомные кольцевые ДНК (вкДНК) как маркеров активной транспозиции в ответ на заражение TRV с вирусным супрессором P19. Двухцепочечную кДНК и вкДНК секвенировали на платформе Oxford Nanopore. Биоинформатический анализ был направлен на выявление LTR-PT с активностью, значительно отличающейся от контроля.

Анализ RNA-seq данных показал, что у растений *A. thaliana* и *B. napus* инфекция вирусами TRV, TRSV и PVX не приводила к активации LTR-PT. В то же время у *N. benthamiana* наблюдался выраженный транскрипционный ответ 54 элементов: 49 из них активировались при инфекции PVX и 5 – при TRV. При этом все элементы, экспрессирующиеся при инфекции TRV, совпадали с PVX-активируемыми. Инфекция TRSV в свою очередь не вызывала изменений в активности транспозонов, что может указывать на специфичность взаимодействий между вирусом и хозяином. Филогенетическая классификация LTR-PT, активных при вирусной инфекции, выявила представителей трёх клад: *Galadriel* (26 элементов), *Ivana* (14 элементов) и *Alesia* (2 элемента).

В результате анализа профиля вкДНК нами было выявлено девять LTR-PT, демонстрирующих продукцию вкДНК в образцах *N. benthamiana*, инфицированных TRV с вирусным супрессором P19, но не в контрольных вариантах. Все активные элементы принадлежали кладе *Galadriel* и находились на семи хромосомах; три из них были полноразмерными, остальные шесть — укороченными. Филогенетический анализ 1179 доменов обратной транскриптазы (англ. Reverse Transcriptase – RT) элементов *Galadriel* показал существование пяти крупных кластеров. Все элементы, продуцирующие вкДНК, а также большинство транскрибируемых (10 из 16), находились в кластере 2. Анализ идентичности LTR показал, что активные кластеры характеризуются высоким сходством последовательностей LTR (94–97%), что может свидетельствовать о недавней активности их представителей.

Полученные данные показывают, что реакция мобилома на вирусную инфекцию является видоспецифичной и может зависеть от взаимной адаптации вируса и растения. Наблюдаемая активация десятков LTR-PT у *N. benthamiana* в ответ на вирусную инфекцию

может свидетельствовать об особой роли мобилома в противовирусном ответе данного вида растений. При этом крайне высокая вирус-индуцибельность элементов *Galadriel* является интересным феноменом, изучение особенностей которого может быть крайне ценно как для фундаментальных, так и практических целей.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-64-00076.

Литература

1. Erdmann R. M., Picard C. L. RNA-directed DNA methylation // PLoS Genetics. – 2020. – Vol. 16, № 10. – P. e1009034.
2. Diezma-Navas L., Pérez-González A., Artaza H., Alonso L., Caro E., Llave C., Ruiz-Ferrer V. Crosstalk between epigenetic silencing and infection by tobacco rattle virus in *Arabidopsis* // Molecular Plant Pathology. 2019. Vol. 20, no. 10. P. 1439–1452.
3. Corrêa R. L., Sanz-Carbonell A., Kogej Z., Müller S. Y., Ambrós S., López-Gomollón S., Gómez G., Baulcombe D. C., Elena S. F. Viral fitness determines the magnitude of transcriptomic and epigenomic reprogramming of defense responses in plants // Molecular Biology and Evolution. 2020. Vol. 37, No. 7. P. 1866–1881.
4. Zervudacki J., Yu A., Amesefe D., Wang J., Drouaud J., Navarro L., Deleris A. Transcriptional control and exploitation of an immune-responsive family of plant retrotransposons // EMBO J. – 2018. – Vol. 37, № 14. – P. e98482.

АНАЛИЗ МЕТИЛИРОВАНИЯ ДНК *IN SITU* В МЕЙОЗЕ У РАСТЕНИЙ С КРУПНЫМ ГЕНОМ

Одинцов С.В.^{1,2}, Колесниченко А.В.^{1,2}, Кудрявцева Н.А.¹, Хрусталева Л.И.^{1,2}

1 — ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550,
iab@iab.ac.ru

2 — ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва 127434, info@rgau-msha.ru

Метилирование ДНК — это эпигенетическая модификация генома, участвующая в регуляции экспрессии генов и событий кроссинговера. Показано, что в гиперметилованных сайтах пахитенных хромосом подавляется образование двухцепочечных разрывов ДНК, т.е. возникновение кроссинговера. В результате кроссинговера образуется новое сочетание аллелей в гаметах, что является основой классической селекции растений.

Геномы растений широко метилированы, и метилирование обычно происходит по цитозину (Ванюшин 2006, 2009). Существует ряд методов изучения метилирования ДНК: (1) без локализации - глобально по всему геному, высокоэффективная жидкостная хроматография с обращенной фазой и катионным обменом (RP-ВЭЖХ), или в таргетных участках ДНК чувствительная к метилированию количественная ПЦР (MS-qPCR); (2) с локализацией - бисульфитное секвенирование ДНК и секвенирование ДНК Nanopore с детекцией модификаций нуклеотидов. Однако, эти методы основаны на выделении геномной ДНК или получении ПЦР продукта в лучшем случае из определенных тканей растений и не дают информации о локализации сайтов метилирования в конкретных клетках и их определенных стадиях.

Целью наших исследований является изучение связей сайтов метилирования в мейозе и локализации кроссинговера на пахитенных хромосомах у двух близкородственных видов *Allium cepa* и *Allium fistulosum*, обладающих крупными геномами (15,9 Gb и 11,5 Gb, соответственно, Ricroch et al., 2005). Эти виды имеют диаметрально противоположное распределение сайтов кроссинговера.

Изучение локализации сайтов метилирования *in situ* проводили только на митотических хромосомах растений путем детекции 5-метил-цитозина с помощью антител (Castiglione et al., 1995). Мы предлагаем новый подход, позволяющий увеличить разрешающую способность детекции метилирования ДНК *in situ*. Компактизация пахитенных хромосом существенно, в 7–10 раз (Ohmido et al., 2018), меньше, чем компактизация митотических хромосом в метафазе. Ранее нами был разработан метод приготовления препаратов мейотических хромосом с хорошим разбросом для иммулокализации мейотических белков (Kudryavtseva et al., 2025). Этот метод приготовления мейотических хромосом мы использовали для детекции метилирования. Для детекции были использованы антитела к 5-метилцитозину, применённые на хромосомах в стадии пахитены I мейоза. Сложная конфигурация клубка слабо компактизированных хромосом в пахитене у видов с большим геномом затрудняет их визуальный анализ. Для решения этой проблемы в дополнение к окрашиванию хромосом DAPI на препаратах проводилась иммунодетекция мейотического белка ZYP1, который визуализируется как более тонкие и чёткие треки, пролегающие в центральной части более широких полос окрашенного хроматина.

Таким образом для анализа паттерна ДНК метилирования на пахитенных хромосомах в первую очередь необходимо было разработать протокол для одновременной визуализации белков и сайтов метилирования на препаратах. Детекция мейотического белка ZYP1 проходит при температуре 37°C, а для детекции 5-метилцитозина используется предварительная денатурация ДНК при 75°C. Такая обработка препаратов приводит к получению прерывистых сигналов ZYP1 и деградации хроматина. Для того чтобы избежать получения некачественных изображений пахитенных хромосом с прерывистыми сигналами ZYP1 и высоким уровнем фонового свечения в протокол была добавлена фиксация препаратов в 1% формальдегиде и снижена температура денатурации. С использованием программ GIMP 2.10 и ImageJ 1.54r (с плагином Straighten) в интерактивном режиме отдельные пахитенные хромосомы были экстрагированы и выпрямлены для анализа паттерна метилирования ДНК. Разработанный нами протокол позволяет с высоким разрешением анализировать сайты метилирования на индивидуальных хромосомах.

По результатам анализа получены предварительные данные о видоспецифичном расположении сайтов метилирования: у *Allium cepa* (лук репчатый) в прицентромерных регионах, а у *Allium fistulosum* (лук батун) в субтеломерных регионах. Полученные результаты коррелируют с супрессией рекомбинаций в метилированных регионах у этих двух видов.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ проекта № 24-76-10037.

Список литературы:

1. Ванюшин Б.Ф. Метилирование ДНК и эпигенетика // Генетика, 2006. Т. 42. № 9. С. 1186–1199.
2. Ванюшин Б.Ф. Метилирование ДНК у растений: механизмы и биологическая роль // Ин-т физиологии растений. М.: Наука, 2009
3. Ricroch, A., Yockteng, R., Brown, S. C., & Nadot, S. (2005). Evolution of genome size across some cultivated *Allium* species. *Genome*, 48(3), 511-520.
4. Castiglione R.M., Giraldi E., Frediani M. The DNA Methylation of *Allium cepa* Metaphase Chromosomes // *Biol. Zent. bl.*, 1995. V. 114. P. 52–66

5. Ohmido, N., Iwata, A., Kato, S., Wako, T., & Fukui, K. (2018). Development of a quantitative pachytene chromosome map and its unification with somatic chromosome and linkage maps of rice (*Oryza sativa* L.). Plos one, 13(4), e0195710.
6. Kudryavtseva, N., Ermolaev, A., & Khrustaleva, L. (2025). A Method of Well-Spread Pachytene Chromosome Preparations for Plant Species with Large Genomes Suitable for the Immunolocalization of Meiotic Proteins. Methods and Protocols, 8(3), 54.

ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ ВИРУСОВ АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ С РЕПОРТЕРНЫМ ГЕНОМ GFP ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ ВИРУСНЫХ ПРОМОТОРОВ

Рудакова С.В., Сухер М.М., Кольцов А.Ю., Кольцова Г.С.

**ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии»
(ФГБНУ ФИЦВиМ), ул. Академика Бакулова, стр. 1, пгт. Вольгинский, Владимирская
обл., Россия, 601125; E-mail: sofia.rudakova@mail.ru**

Африканская чума свиней (АЧС) – это контагиозная болезнь домашних свиней и кабанов с высокой летальностью, характеризуется лихорадкой, обширными геморрагиями и цианозом кожи, тяжёлыми поражениями внутренних органов. Возбудителем болезни – единственный представитель семейства *Asfviridae* и рода *Asfivirus* крупный цитоплазматический ДНК-содержащий вирус со сложноорганизованным геномом. Размер вируса варьирует от 170 до 193 нм. Вирус реплицируется в цитоплазме макрофагов.

Экспрессия генов вируса АЧС происходит в упорядоченной последовательности по типу каскадного механизма. Перед репликацией ДНК запускаются пред-ранние мРНК, которые, в свою очередь, запускают ранние мРНК. После начала репликации ДНК начинается уже транскрипция средних генов, а транскрипция поздних генов достигает максимальных уровней через 12-16 часов после инфекции и медленно уменьшается до конца цикла заражения, который занимает около 18 часов.

На основании результатов биоинформатического анализа генома вируса АЧС и РНК-секвенирования его транскриптомы было предсказано, какие гены являются ранними, а какие поздними. Несколько исследований были посвящены изучению вирусных промоторов, однако эти исследования ограничивались только некоторыми промоторами, в основном достаточно хорошо охарактеризованных генов. Ранее нами были проведены исследования по характеристике времени включения и силы 15 промоторов генов вируса АЧС (*A137R*, *E184L*, *D205R*, *I267L*, *CP2475L*, *B646L*, *D117L*, *S273R*, *D1133L*, *MGF360-15R*, *A179L*, *I226R*, *DP146L*, *B125R*, *S183L*) с использованием генетических конструкций, содержащих ген GFP под контролем вирусного промотора каждого гена. Анализ времени включения промоторов проводили методом флуоресцентной микроскопией на основании детекции GFP в клетках COS-1 после трансфекции их полученными ДНК-конструкциями и инфекции вирусом АЧС. Анализ силы промоторов проводили методом спектрофотометрии на основании детекции GFP в клетках COS-1 после трансфекции их полученными плазмидами и инфекции вирусом АЧС. Было продемонстрировано, что все охарактеризованные промоторы относятся к разным по времени включения промоторам генов вируса АЧС. Кроме того, нам удалось идентифицировать 4 промотора генов *A137R*, *E184L*, *D205R*, *CP2475L*, которые оказались сильнее изученного ранее промотора гена *B646L* (p72). С целью подтверждения результатов, на следующем этапе работ мы решили получить рекомбинантные вирусы и провести анализ промоторов при вирусной репликации.

В связи с этим, целью данной работы было получение рекомбинантных вирусов АЧС с репортерным геном GFP под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*.

Для выполнения данной цели нами были поставлены следующие задачи:

1. Получить генетические конструкции для создания рекомбинантных штаммов вируса АЧС путём гомологичной рекомбинации.
2. Получить рекомбинантные штаммы вируса АЧС с репортерным геном *GFP* под контролем промоторов выбранных генов.
3. Провести первичную характеристику времени включения и силы промоторов выбранных генов с использованием полученных рекомбинантных вирусов.

Нами были выбраны промоторы генов *D205L*, *A137R*, *I267L* и *E184L*, как наиболее сильные. Для того чтобы исключить влияние области генома на силу и время включения промотора, для всех 4 рекомбинантных вирусов ген *GFP* с соответствующим промотором был включён в правую вариабельную часть генома вируса АЧС штамма KK262. Преимуществом штамма KK262 является его эффективная репликация не только в первичных культурах клеток, но и в перевиваемых линиях клеток, например, COS-1.

Нами были получены 4 генетические конструкции («рекомбинационные кассеты»), которые содержали ген *GFP* с соответствующим промотором, а также «плечи рекомбинации» (Larm, Rarm). Нуклеотидная последовательность полученных конструкций была верифицирована секвенированием по методу Сэнгера.

Мы использовали сконструированные рекомбинационные кассеты pUnk_GFP (с промотором гена *E184L*), pI267L_GFP (с промотором гена *I267L*), pI1.5_GFP (с промотором гена *A137R*) и pD205R_GFP (с промотором гена *D205R*) для получения рекомбинантных штаммов вируса африканской чумы свиней методом гомологичной рекомбинации. Для этого клетки COS-1 инфицировали вирусом АЧС штамм Congo-a (KK262) с множественностью заражения 1 MOI. Инфицированные клетки инкубировали 2 часа в CO₂-инкубаторе при 37°C, после чего клетки промывали и проводили трансфекцию клеток соответствующей рекомбинационной кассетой.

Селекцию рекомбинантных клонов вируса АЧС осуществляли методом предельных разведений вирусосодержащей культуральной жидкости на культурах клеток COS-1 и первичной культуре клеток макрофагов свиней. В результате 7 раундов предельных разведений были получены рекомбинантные штаммы вируса АЧС с репортерным геном *GFP* под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*. Первичное накопление вирусного материала проводили на культуре клеток макрофагов свиней. Далее полученный материал был использован для инфекции культуры клеток COS-1 для получения вирусных стоков.

Для оценки времени включения промоторов клетки COS-1 инфицировали полученными ранее рекомбинантными вирусами и проводили фотофиксацию всех полей лунок каждый час в течение 24 часов с использованием системы «CELENA X». Далее проводили подсчёт времени разгорания *GFP*. Анализ времени разгорания зелёного флуоресцентного белка показал, что выбранные нами 4 промотора генов вируса африканской чумы свиней являются ранними промоторами. Полученные данные с использованием рекомбинантных вирусов согласовывались с данными, полученными ранее с использованием генетических конструкций.

Для анализа силы экспрессии клетки COS-1, инфицированные полученными ранее рекомбинантными вирусами, собирали через 24, 48 и 72 часа и использовали для измерения общего количества белка и сигнала флуоресценции. В качестве референтного промотора использовали промотор гена *A137R*. Результаты показали, что сила промотора гена *E184L* в 5 раз выше по сравнению с референтным промотором, сила промотора гена *D205R* в 1,5 раз ниже по сравнению с референтным промотором, а сила промотора гена *I267L* в 2 раза ниже по сравнению с референтным промотором.

Таким образом, в результате проведенных работ были получены рекомбинантные вирусы АЧС с репортерным геном GFP под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*. В ходе предварительных экспериментов продемонстрировано, что *A137R* и *E184L* являются наиболее сильными. Хотя изучение промоторов вируса АЧС связано с необходимостью понимания биологии вирусов, характеристика промоторов вируса АЧС позволит получать рекомбинантные вирусы с разным уровнем и временем экспрессии интересующих генов, что актуально для создания живых рекомбинантных вакцин против АЧС.

FISH-КАРТИРОВАНИЕ ЦЕНТРОМЕРНОГО И СУБТЕЛОМЕРНОГО ПОВТОРОВ В БИВАЛЕНТАХ ЛУКА РЕПЧАТОГО, ЛУКА-БАТУНА И ГИБРИДАХ МЕЖДУ НИМИ

Сыропятова Е.И.¹, Кудрявцева Н.А.², Хрусталева Л.И.^{1,2}

1 - Центр Молекулярной Биотехнологии, РГАУ-МСХА им. К.А.Тимирязева, Москва 127550; E-mail: katerinap1323@gmail.com

2 - ФГБНУ “Всероссийский Научно-Исследовательский Институт Сельскохозяйственной Биотехнологии” (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550

Лук репчатый (*Allium cepa* L.) возделывается человечеством более 5000 лет и обладает незаменимыми морфологическими и хозяйственно-ценными характеристиками (Jones, 1983). Однако, за годы возделывания и культивации была утеряна предковая форма, а вместе с ней и важные сельскохозяйственные качества. Лук-батун (*Allium fistulosum* L.), близкородственный вид, является источником ценных генов для улучшения генофонда лука репчатого. *A. fistulosum* содержит гены устойчивости к ряду заболеваний (Currah and Maude, 1984; Galvan *et al.*, 1997; Netzer *et al.*, 1985; Ponti and Inggamer, 1984), имеет высокое содержание сухих веществ и обладает холодостойкостью (Meer and Bennekom, 1978). Несмотря на таксономическую близость *A. cepa* и *A. fistulosum*, селекция таких гибридов сопряжена со значительными трудностями. Исследователи столкнулись с высоким уровнем стерильности диплоидных гибридных форм (F_1 и F_2), а также гибелью проростков гибридов BC_1 (Emsweller and Jones, 1935; Maeda, 1937). Одной из вероятных причин стерильности межвидовых гибридов ($2n=2x=8C+8F$) является различие в частоте и распределении хиазм – цитологических проявлений кроссинговера. У *A. cepa* преобладает дистальное расположение хиазм, в то время как у *A. fistulosum* – проксимальное (Kudryavtseva, 2023). Различия в распределении хиазм между родительскими видами могут приводить к нарушениям конъюгации хромосом в мейозе межвидовых гибридов и формированию нежизнеспособных гамет. Анализ распределения хиазм относительно центромеры и теломерных окончаний на монохромно окрашенных мейотических хромосомах довольно сложная задача.

Целью наших исследований является визуализация теломерных окончаний и центромеры на мейотических хромосомах *A. cepa* и *A. fistulosum* и F_1 гибридов между ними с использованием флуоресцентной *in situ* гибридизации (FISH).

FISH позволяет визуализировать последовательности ДНК на физических хромосомах путем гибридизации фрагментов меченой ДНК-пробы по принципу комплементарности с ДНК хромосом, что делает её незаменимым инструментом в исследовании мейоза межвидовых гибридов. Для нашей работы в качестве ДНК-проб мы использовали напрямую меченый ПЦР-продукт сателлитного повтора Afi11, размером 109 bp, функциональной центромеры (Nagaki *et al.* 2012) и FITC-меченый олигонуклеотид,

размером 59 bp, на субтеломерный повтор (Irifune *et al.*, 1995). Применение этих маркеров позволило получить чёткие и яркие сигналы на центромерных и субтеломерных участках хромосом в бивалентах *A. cepa* и *A. fistulosum* и F₁ гибридов между ними.

Использование FISH в анализе мейоза является частью комплексного исследования, направленного на изучение механизмов рекомбинации, что может способствовать преодолению стерильности F₁ гибридов между *A. cepa* и *A. fistulosum* и расширению возможностей селекции луков.

Дальнейшим шагом работы является постановка одновременной GISH (Геномной *In Situ* Гибридизации) и FISH на межвидовом гибриде F₁ между *A. cepa* и *A. fistulosum*. Такой подход позволит идентифицировать родительские геномы в гомеологичных бивалентах гибрида и точный анализ локализации хиазм относительно центромеры и теломерных окончаний.

Исследование было выполнено при поддержке гранта РНФ №24-76-10037.

Список литературы:

1. Currah L., Maude R. B. Laboratory tests for leaf resistance to *Botrytis squamosa* in onions //Annals of Applied Biology. – 1984. – Т. 105. – №. 2. – С. 277-283.
2. Emsweller S. L., Jones H. A. A gene for control of interstitial localization of chiasmata in *Allium fistulosum* L //Science. – 1935. – Т. 81. – №. 2109. – С. 543-544.
3. Galvan G. A. et al. Screening for resistance to anthracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* Penz.) in *Allium cepa* and its wild relatives //Euphytica. – 1997. – Т. 95. – №. 2. – С. 173-178.
4. Irifune, K., Hirai, K., Zheng, J. et al. Nucleotide sequence of a highly repeated DNA sequence and its chromosomal localization in *Allium fistulosum*. Theoret. Appl. Genetics 90, 312–316 (1995).
5. Jones R. N. Cytogenetic evolution in the genus *Allium* //Cytogenetics of crop plants. – 1983. – С. 516-554.
6. Kudryavtseva N. et al. The Control of the Crossover Localization in *Allium* //International Journal of Molecular Sciences. – 2023. – Т. 24. – №. 8. – С. 7066.
7. Maeda S. Über die chemische Natur des Papains //Bulletin of the Chemical Society of Japan. – 1937. – Т. 12. – №. 6. – С. 319-325.
8. Meer Q. P., Bennekom J. L. Improving the onion crop (*Allium cepa* L.) by transfer of characters from *Allium fistulosum* L. – 1978.
9. Nagaki K, Yamamoto M, Yamaji N, Mukai Y, Murata M. Chromosome Dynamics Visualized with an Anti-Centromeric Histone H3 Antibody in *Allium*. 2012.
10. Netzer D., Rabinowitch H. D., Weintal C. H. Greenhouse technique to evaluate onion resistance to pink root //Euphytica. – 1985. – Т. 34. – №. 2. – С. 385-391.
11. Ponti O. M. B., Inggamer H. Resistance to the onion fly in *Allium cepa* and *Allium fistulosum*. – 1984.

ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ ОТКРЫТЫЕ РАМКИ СЧИТЫВАНИЯ В МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТАХ РАСТЕНИЙ: ЭВОЛЮЦИОННОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ

Тюрин К. Н.^{1,2}, Киров И. В.^{1,2}

1 - ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail:
biotech@iab.ac.ru

**2 - ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)» (ФГАОУ ВО МФТИ НИИ), Долгопрудный 141701;
E-mail: info@mipt.ru**

Мобильные генетические элементы (МГЭ) представляют собой последовательности способные к перемещению и амплификации внутри генома, они занимают значительную часть геномов растений и играют ключевую роль в их эволюции и адаптации [1]. Наряду с базовыми белками, необходимыми для транспозиции (транспозаза у ДНК-транспозонов и GAG-POL у LTR-ретротранспозонов), некоторые МГЭ содержат дополнительные открытые рамки считывания (aORF), функции которых остаются малоизученными [2, 3, 4].

В настоящем исследовании нами была разработана программа JumpORF для систематического поиска и аннотации aORF в МГЭ в геномах растений. Анализ выполнен на пяти видах трёх модельных родов — *Arabidopsis*, *Oryza* и *Solanum*. Для снижения количества ложноположительных предсказаний в процессе аннотации aORF подвергаются фильтрации по следующим критериям: (i) длина кодируемого белка не менее 100 аминокислот; (ii) наличие не менее трёх копий в пределах одного генома (с идентичностью >80%). Полученные aORF были кластеризованы в белковые семейства с идентичностью > 80% по последовательностям кодируемых ими белков для каждого рода. В последующем анализе проводилась дополнительная фильтрация семейств по наличию консервативных доменов в пределах семейства (по базе консервативных белковых доменов CDD), сходству с белками из базы UniProtKB с идентичностью > 60% и покрытием > 50% аминокислот от референсного белка или присутствию в белковом семействе аннотаций из не менее двух видов в пределах рода.

В результате нами было идентифицировано 5229, 13547 и 11539 aORF, объединённых в 269, 426 и 421 белковое семейство для родов *Arabidopsis*, *Oryza* и *Solanum* соответственно. Пространственное распределение идентичности белковых последовательностей между индивидуальными aORF-кодируемыми белками, визуализированное при помощи метода UMAP, показало четкую кластеризацию по функциональным аннотациям, предсказанным по CDD. От 48.7 до 66.5% семейств не имеют функциональных аннотаций или гомологов среди известных белков и, вероятно, представляют редкие или недавно возникшие функциональные типы. Функциональное разнообразие aORF различается между родами: у *Arabidopsis* преобладают белки, сходные со структурными компонентами хромосом (SMC и кинетохорные белки), у *Oryza* - белки с со связывающими нуклеиновые кислоты доменами, у *Solanaceae* - белки, сходные с envelope-подобными белками ретровирусов.

Полученные результаты демонстрируют значительное разнообразие aORF в транспозонах растений и подчёркивают их роль как источника новых белковых функций. Список литературы:

1. Almojil, D.; Bourgeois, Y.; Falis, M.; Hariyani, I.; Wilcox, J.; Boissinot, S. The Structural, Functional and Evolutionary Impact of Transposable Elements in Eukaryotes. *Genes* 2021, 12, 918.
2. Wright DA, Voytas DF. Athila4 of *Arabidopsis* and Calypso of soybean define a lineage of endogenous plant retroviruses. *Genome Res.* 2002, 12, 31.
3. Lisch D, Girard L, Donlin M, Freeling M. Functional analysis of deletion derivatives of the maize transposon MuDR delineates roles for the MURA and MURB proteins. *Genetics* 1999, 151, 41.
4. Fu Y, Kawabe A, Etcheverry M, Ito T, Toyoda A, Fujiyama A, Colot V, Tarutani Y, Kakutani T. Mobilization of a plant transposon by expression of the transposon-encoded anti-silencing factor. *EMBO J.* 2013, 32, 17.

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К ВИРУСУ ВИСНА-МАЕДИ У РОССИЙСКИХ ПОРОД ОВЕЦ

Яковлева О.С.¹, Денискова Т.Е.¹

1 – ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста), пос. Дубровицы, д. 60, г. о. Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: prietnaya-vij@mail.ru.

Овцеводство имеет важное экономическое значение, так как служит в качестве сырьевой базы для пищевой и текстильной промышленности. В настоящее время, в нашей стране, разведение овец значительно отстаёт от других отраслей животноводства. Для сельского хозяйства остро стоят проблемы необходимости создания новых отечественных высокопродуктивных пород, а также сохранение генофонда имеющихся пород и его рационального использования, а также разработка методов объективной оценки генетического потенциала и развитие маркер-ориентированной селекции, направленной на улучшение продуктивных качеств и устойчивости к заболеваниям.

Вирус Висна-Маеди (Visna/Maedi) принадлежит к Лентивирусам мелких жвачных животных (SRLV) относятся к семейству оболочечных вирусов Retroviridae, которые заражают овец и коз, вызывая хронические прогрессирующие заболевания, известные как вирус прогрессирующей пневмонии овец (ORPV – название, используемое в США) или вирус Висна-Маеди (VMV-в других странах). Распространение хронических лентивирусных инфекций (SRLV), снижающих продуктивность и увеличивающих смертность животных, является причиной значительных экономических потерь в овцеводстве. При попадании вируса в восприимчивое поголовье овец ежегодная смертность может достигать 30% спустя несколько лет после инфицирования. При субклинической форме инфекции у зараженных овец наблюдается ослабление иммунитета, уменьшение плодовитости и снижение продуктивных качеств. Вирус широко распространен, к примеру, в США четверть овец заражена ORPV, а в трети овцеводческих хозяйств имеются животные-носители (имеют положительный статус).

Для заболевания, вызванного вирусом Висна-Маеди, характерен крайне длительный латентный период, симптомы не проявляются в течение многих лет, что может быть пагубно для пострадавших популяций, так как уровень инфицирования во многих стадах превышает 50% к тому времени, когда появляются клинические признаки и болезнь диагностируется. У овец данный вирус вызывает хронические неизлечимые прогрессирующие воспалительные процессы и поражает нервную систему (энцефалит), дыхательную систему (пневмония), молочную железу (мастит) и суставные сочленения.

Кроме того, особенностью данного вируса является генетическая гипервариабельность, что является препятствием для разработки эффективных вакцин, попытки создания которых пока не увенчались успехом, а в некоторых случаях экспериментальные вакцины даже усиливали инфекцию. Лечение лентивирусных инфекций антиретровирусными препаратами у овец экономически нерентабельно, по этой причине возрос интерес к селекции на породную генетическую устойчивость к вирусу МВ.

Ген трансмембранного белка 154 (TMEM154) был описан в ряде зарубежных исследований, посвященных изучению данной проблемы, в качестве основного гена-кандидата, вариации которого связаны с восприимчивостью/устойчивостью к Висна-Маеди, что делает возможным разработку эффективной тест-системы, позволяющей выявлять животных, устойчивых к данному заболеванию. Изучение генетических маркеров устойчивости, таких как TMEM154, позволит разработать эффективные стратегии селекции

устойчивого поголовья, что особенно важно в условиях отсутствия действенных вакцин и терапевтических методов.

В 2024 году в перечень важнейших наукоемких технологий включена критическая технология № 7 «Технология повышения продуктивности (в том числе с помощью селекции) сельскохозяйственных животных и их устойчивости к заболеваниям».

Актуальной задачей для исследования будет определение аллелей в SNP указанного гена для изучаемых выборок овец российских пород. Устойчивость или восприимчивость животных определяется полиморфизмом гена TMEM154. Генотипирование полиморфизма данного гена необходимо для планирования селекционно-племенной работы с целью снижения доли восприимчивых к вирусу особей.

Целью наших исследований была генетическая характеристика аллелофонда российских пород овец по SNP гена овечьего трансмембранного белка 154 (TMEM154) OAR17_5388531 (rs414338245), ассоциированного с генетической устойчивостью к вирусу Висна-Маеди.

Работа выполнялась на базе оборудования центра коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Биоматериалом для исследования послужили образцы ткани (ушные выщипы), полученные от овец, содержащихся в ПЗ «Ладожский», а также образцы ткани от представителей пород, имеющиеся в биоресурсной коллекции «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (зарегистрирован Минобрнауки РФ № 498808): южная мясная (n=110), межпородные кроссы F1 пород катадин × южная мясная (n=100), эдильбаевская (n=49), калмыцкая (n=30), карачаевская (n=56), лезгинская (n=103), тувинская короткожирнохвостая (n=43), горно-алтайская (n=24), куйбышевская (n=96), горная дагестанская (n=30), грозненская (n=42), сальская (n=48), монгольская (n=68), осетинская (n=63), волгоградская (n=42), катумская (n=13), тушинская (n=27), кулудинская (n=31) андийская черная (n=27).

Генотипы овец, ассоциированные с устойчивостью к вирусу Висна-Маеди, определяли при помощи ПЦР в реальном времени фрагмента гена TMEM154. Амплификацию проводили на приборе Applied Biosystems QuantStudio 5(США).

Анализ полиморфизма гена TMEM154 показал наличие в изучаемых выборках животных двух аллелей – С и Т.

Полученные результаты свидетельствуют о доминировании аллеля С в исследуемых популяциях овец.

Аллель С гена TMEM154 ассоциирован с повышенной восприимчивостью овец к лентивирусам. Согласно полученным данным, большинство особей из изученных выборок овец российских пород оказались восприимчивы к заболеванию, и являются носителями нежелательного для селекции аллеля.

В связи с высокой распространенностью аллеля, связанного с неустойчивостью к инфекции в популяциях российских пород овец, уместным будет введение и реализация генетического скрининга на устойчивость животных к вирусу Висна-Маеди и его включение в программы маркер-ориентированной селекции.

В ходе проведенного исследования, у большинства проанализированных популяций не было выявлено генетической устойчивости к вирусу Висна-Маеди, как и у большинства зарубежных. Исключениями являются выборки кулундинской, сальской, дагестанской горной и грозненской пород. Полученные данные являются предварительными, для более полного анализа необходимо увеличить количество животных в выборках.

Работа была выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственного задания (регистрационный номер ЕГИСУ темы НИР FGGN-2024-0015).

МОЛЕКУЛЯРНО-ЭВОЛЮЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ДОМЕСТИЦИРОВАННОГО БЕЛКА GAG РЕТРОТРАНСПОЗОНА Ty1/Copia У ДВУДОЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ

Янушкевич М. А.^{1,2}, Полховский А. В.^{1,2}, Киров И. В.^{1,2}

1 – ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)», Долгопрудный 141707; E-mail: maria.yanushkevich7@gmail.com

2 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550

dGAG представляет собой доместичированный белок GAG ретротранспозона Ty1/Copia, сшитый с транскрипционным фактором KELP. Данный белок широко распространен у двудольных растений, однако его функция неизвестна. Для того, чтобы подтвердить значимость данного гена, мы провели эволюционный анализ гомологов dGAG *A. thaliana* среди других растительных организмов [1].

Гомологи белка dGAG были идентифицированы среди различных представителей двудольных растений с использованием tBLASTn и анализа доменной архитектуры в InterPro. Для последующего анализа мы взяли 15 последовательностей dGAG из разных таксонов. Множественное выравнивание аминокислотных последовательностей, выполненное в Clustal Omega, подтвердило консервативность функционально значимых доменов: DEC-C, p15, GAG и zinc finger (ZF). На основе данного выравнивания было построено филогенетическое дерево в IQ-TREE. Для изучения трехмерной структуры и валидации доменной организации были построены модели в AlphaFold3. Эволюционная динамика и давление отбора оценивались с помощью программы PAML v4.9j методом максимального правдоподобия. Для анализа давления отбора в PAML использовались выравнивание кодирующих последовательностей мРНК на основе кодонов (MAFFT) и филогенетическое дерево, ранее построенное в IQ-TREE.

Филогенетический анализ показал, что эволюция гомологов dGAG в целом соответствует общепринятой филогении двудольных (система APG IV), что свидетельствует о древней доместикации гена и его монофилитическом происхождении. Моделирование трехмерных структур выявило схожую пространственную организацию консервативных доменов у разных организмов. Анализ селективного давления выявил преобладание очищающего отбора ($dN/dS < 1$) по всей последовательности, что указывает на функциональные ограничения и важность белка для организма. При этом были обнаружены отдельные сайты, демонстрирующие признаки положительного отбора, которые могут быть связаны с адаптацией к определенным процессам.

Полученные данные — консервативная доменная архитектура, соответствие видовой филогении и преобладание очищающего отбора — являются вескими косвенными свидетельствами важной функциональной значимости белка dGAG в растительных организмах. Дальнейшие исследования, направленные на экспериментальное подтверждение функции dGAG, помогут раскрыть его конкретную роль, потенциально связанную с иммунным ответом на вирусные заболевания у растений.

Список литературы:

1. Jianhua Wang, Guan-Zhu Han, Unearthing LTR Retrotransposon gag Genes Co-opted in the Deep Evolution of Eukaryotes, *Molecular Biology and Evolution*, Volume 38, Issue 8, August 2021, Pages 3267–3278, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab101>.

Клеточные биотехнологии, регуляторы роста и развития растений

РОЛЬ ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ ГИБЕЛИ В ОНТОГЕНЕЗЕ РАСТЕНИЙ

Доронина Т.В.¹, Лазарева Е.М.^{1,2}.

1 – Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, биологический факультет, кафедра клеточной биологии и гистологии, 119234, Россия, Москва, Ленинские горы, д. 1, стр. 12, e-mail: matveevatatiana.94@yandex.ru

2 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), 127550, Москва, Тимирязевская,

42

Программируемая клеточная гибель (ПКГ) является фундаментальным процессом в жизни растений, обеспечивающим их нормальное развитие и защиту от различных стрессовых факторов. Этот механизм играет ключевую роль в формировании растительных тканей и органов, а также в ответе на биотические и абиотические воздействия.

Выделяют два основных функциональных типа ПКГ. Первый тип связан с дифференцировкой тканей и процессом старения, он называется developmental-induced (dPCD). Второй тип индуцируется действием различных стрессовых факторов и называется environmental-induced (ePCD) (Olvera-Carrillo Y. et al., 2015)

По морфологическим признакам различают два основных вида клеточной гибели. Вакуолярная (аутолитическая) гибель характеризуется увеличением количества литических вакуолей, деполимеризацией цитоскелета и последующей фрагментацией ДНК. Процесс завершается разрывом тонопласта и деградацией клеточного содержимого. Программируемый некроз (неаутолитическая гибель) сопровождается потерей целостности плазматической мембраны при сохранении органелл до поздних стадий процесса. Этот тип гибели часто называют апоптозо- или некрозоподобным (Van Doorn et al., 2011).

Аутофагия выступает не только механизмом выживания, но и важным компонентом регуляции клеточной гибели. Этот процесс включает формирование аутофагосом с участием белков ATG и их последующую доставку в вакуоль. Аутофагия у растений иногда рассматривается как компонент вакуолярной гибели.

В регуляции ПКГ участвуют различные группы протеаз, прежде всего цистеиновые протеазы (VPE, метакаспазы), сериновые протеазы (фитаспазы). Каспаз у растений нет. Выявлены некоторые ключевые транскрипционные факторы и регуляторы ПКГ у *Arabidopsis*. В последнее время введен термин deathosome. Deathosome представляет собой ключевой комплекс белков-регуляторов ПКГ, включающий белки EDR1, ACD32.1, PAD4, EDS1 и SERPIN1.

Особенный интерес ПКГ представляет в развитии семени, т.к. без процесса ПКГ невозможно правильное формирование тканей полноценного зародышевого мешка и семени у всех покрытосеменных растений.

При развитии зародышевого мешка три из четырех мегаспор подвергаются ПКГ. Синергиды погибают в ходе двойного оплодотворения. Антиподальные клетки у большинства растений

дегенерируют вскоре после оплодотворения. Подвесок и эндосперм выполняют трофическую функцию и подвергаются ПКГ после выполнения своих задач. Клеточной гибели также подвергаются клетки нуцеллуса и интегументов семени.

В нашей работе мы изучали клеточную гибель антиподальных клеток зародышевого мешка пшеницы.

Антиподальные клетки играют важную роль в структуре зародышевого мешка, выполняя функции барьера и обеспечения неклеточного эндосперма питательными веществами. Они располагаются между материнскими тканями и эндоспермом, который формируется после процесса двойного оплодотворения (Chaban et al., 2011).

Предполагается, что антиподальные клетки женского гаметофита выполняют важные секреторные и питательные функции. На ранних этапах своего развития эти клетки участвуют осморегуляторную функцию благодаря наличию крупных вакуолей. По мере развития, на средних и поздних стадиях, в антиподальных клетках активно происходят процессы эндоредупликации, транскрипции и синтеза различных веществ, таких как питательные вещества, гормоны, витамины и антистрессорные факторы. Эти компоненты необходимы для правильного развития эндосперма на начальной стадии.

Когда начинается процесс целлюляризации ценоцита эндосперма, запускается механизм программируемой клеточной гибели антиподальных клеток. Он сопровождается изменением структуры хроматина, сегрегацией компонентов ядрышка и выходом цитохрома с из митохондрий. Этот процесс происходит неравномерно: некоторые клетки продолжают функционировать даже после начала гибели других. При этом гибнущие антиподальные клетки через широкие каналы в клеточных стенках передают в ценоцит эндосперма фрагменты хроматина, ядрышек и органелл путём экстррузии. На заключительных этапах антиподальные клетки полностью поглощаются эндоспермом (Doronina and Lazareva, 2021).

Список литературы:

Chaban I. A. et al. Antipodal complex development in the embryo sac of wheat //Russian journal of developmental biology. – 2011. – Т. 42. – №. 2. – С. 79-91.

Doronina T. V., Lazareva E. M. Structure of antipodal cells nuclei of wheat embryo sac during programmed cell death // Planta. — 2021. — Vol. 254, no. 48.

Olvera-Carrillo Y. et al. A conserved core of programmed cell death indicator genes discriminates developmentally and environmentally induced programmed cell death in plants //Plant physiology. – 2015. – Т. 169. – №. 4. – С. 2684-2699.

Van Doorn W. G. et al. Morphological classification of plant cell deaths //Cell Death & Differentiation. – 2011. – Т. 18. – №. 8. – С. 1241-1246.

ГОРМОНАЛЬНАЯ РЕГУЛЯЦИЯ АДАПТАЦИИ РАСТЕНИЙ К НЕДОСТАТКУ КИСЛОРОДА И РЕАЭРАЦИИ

Емельянов В.В.

**ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет» (ФГБОУ ВО
СПбГУ), Университетская наб., 7/9, Санкт-Петербург, 199034; E-mail:
bootika@mail.ru**

Выяснение механизмов приспособления растительных организмов к изменяющимся условиям среды обитания является важной проблемой современной биологии. Растения являются облигатными аэробами. Однако, часто они оказываются в среде с пониженной концентрацией кислорода (гипоксия) или его полным отсутствием (аноксия). От дефицита кислорода нередко страдают посевы озимых культур в зимне-весенний или осенний периоды. Гипоксия возникает также при весенних паводках и в период летней вегетации от выпадения обильных осадков или использования тяжелой сельскохозяйственной техники. Растения природных сообществ, обитающие в условиях постоянного переувлажнения или в водной среде, также сталкиваются с проблемой гипоксии. У растений эти условия могут вызывать прямо противоположную реакцию: у большинства дикорастущих и культурных растений наблюдается замедление и остановка роста осевых органов, преждевременное старение, опадение листьев, цветков и плодов. Однако существуют гидрофиты, которые могут расти в условиях затопления и даже полной аноксии. Эти устойчивые растения используют две стратегии адаптации. Первая – избегание кислородной недостаточности (low oxygen escape syndrome, LOES): воздействие гипоксии ускоряет у них рост осевых органов, стимулирует формирование придаточных корней и аэренхимы. В результате, побеги начинают активно транспортировать воздух в затопленные части. Вторая – стратегия покоя (low oxygen quiescence syndrome, LOQS). Развивающаяся при этом метаболическая адаптация затрагивает механизмы, препятствующие энергетическому голоданию, токсичности промежуточных и конечных продуктов брожений и перекисному окислительному воздействию.

Стратегия избегания у гидрофитов контролируется экспрессией генов, кодирующих факторы транскрипции из семейства ERF-VII (ethylene response factor, *SNORKEL1* и 2 у риса). При затоплении они стимулируют накопление гиббереллинов (ГК) и повышают чувствительность к ним в междоузлиях стеблей, снижают уровень абсцизовой кислоты (АБК), что совокупно запускает интенсивный вставочный рост, который поддерживается за счёт распада резервных углеводов. Стратегия покоя характеризуется снижением скорости роста и сохранением метаболической энергии, которая расходуется преимущественно на синтез белков мембранного транспорта, шаперонов и ферментов антиоксидантной защиты. Это сочетается с экономией энергии за счёт торможения клеточного деления, роста и биосинтетических процессов. SUB1A (также относящийся к ERF-VII) – главный фактор регуляции стратегии покоя у риса, подавляющий синтез этилена, что приводит к репрессии синтеза и трансдукции ГК, аккумуляции АБК и, в конечном итоге, к торможению роста. Воздействие тотальной аноксии приводило к многократному возрастанию уровня свободной АБК в тканях растений пшеницы и риса уже в течение первых часов. Накопление свободной формы гормона происходило за счёт гидролиза связанных форм. Содержание индолилуксусной кислоты (ИУК) в тканях исследованных растений также возрастало. У пшеницы (неустойчивого растения) накопление ИУК было лишь кратковременным, а у риса (устойчивое растение) высокий уровень гормона сохранялся на протяжении всего времени действия аноксии, в результате чего концентрация его превышала концентрацию АБК. Уровень цитокининов в тканях обоих растений менялся при аноксии меньше, чем других фитогормонов. Содержание салициловой кислоты (СК) в побегах проростков риса было в 20 раз выше, а в корнях такое же, как у растений пшеницы. В побегах проростков риса в условиях дефицита кислорода

было выявлено накопление свободной формы СК, которое происходило одновременно со снижением уровня связанных форм. В корнях проростков риса, а также в проростках пшеницы аккумуляции при аноксии СК не было обнаружено. Повышенный уровень СК был отмечен и у различных видов гидрофитов из семейств Яснотковые, Злаки, Ароидные, Рдестовые и Рогозовые. Предполагается, что ИУК и СК, аккумулируемые в тканях устойчивых растений (риса и других гидрофитов) в аноксических условиях, способствуют поддержанию роста, тогда как у неустойчивых к гипоксии (пшеницы) – остановка роста связана со значительным увеличением уровня АБК.

В естественной среде обитания вслед за периодом кислородной недостаточности обычно следует восстановление аэробных условий, и растения оказываются в условиях постаноксического воздействия. Восстановленные анаэробные метаболиты и почвенные токсины окисляются кислородом воздуха, что приводит к генерации активных форм кислорода (АФК) и развитию постаноксического окислительного стресса, который может способствовать гибели растения даже в том случае, если оно пережило условия аноксии. Развиваются фотоокислительные процессы, повреждающие фотосинтетический аппарат. Под действием аноксии и последующего окисления нарушаются гидрофобные покровы побегов, что приводит к потере влаги и усиливает риск атаки патогенов и фитофагов. Основные механизмы адаптации к постаноксии заключаются в эффективном функционировании антиоксидантных систем, активации альтернативной оксидазы и детоксикации анаэробных метаболитов. Растения, устойчивые к дефициту кислорода, также способны противостоять постаноксии, причём адаптации к этому возникают у них заблаговременно, на уровне преадаптивного ответа. В обеспечении регуляции адаптации к постаноксии большую роль играют транскрипционные факторы ERF-VII, которые участвуют и в регуляции приспособления непосредственно к кислородной недостаточности, а также такие фитогормоны, как жасмонат и АБК. При возвращении в условия нормальной аэрации после воздействия 12 ч аноксии запускалось снижение уровней фитогормонов (ИУК, СК) к дострессовому, уровню. У риса оно было более быстрым (6 ч постаноксии) и постаноксические варианты не отличались от контрольных по содержанию ИУК. У пшеницы уровень ИУК понижался значительно медленнее (к 24 ч постаноксии) и после действия стрессоров был ниже контрольных значений, особенно в побегах.

Обнаруженные различия в гормональных сдвигах у растений пшеницы и риса могут быть следствием их различной устойчивости к изучаемому стрессору. Поэтому нами было исследовано действие обработки экзогенными фитогормонами (АБК, ИУК, кинетин, ГК, СК, эпибрасинолид) на жизнеспособность растений в условиях аноксии и интенсивность окислительных процессов в условиях постаноксического воздействия. АБК, ИУК, СК и эпибрасинолид оказывали положительное действие на устойчивость растений и приводили к снижению продукции АФК и перекисного окисления липидов мембран, однако для пшеницы (неустойчивое растение) наиболее эффективными оказались АБК и СК, а для риса (устойчивое растение) – ИУК. Для кинетина и ГК протекторное действие не было выявлено. Растения табака, трансформированные агробактериальными генами биосинтеза ИУК и имеющие повышенный уровень этого гормона, также повреждались в условиях кислородной недостаточности меньше, чем растения дикого типа. Таким образом, гормональная система активно регулирует адаптацию растений к дефициту кислорода и

последующей реэрации и модуляция её работы представляется важным для снижения потерь урожая и уменьшения неблагоприятного антропогенного воздействия на флору.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда №25-14-00074.

ВВЕДЕНИЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА *MAGNOLIA* L. В КУЛЬТУРУ *IN-VITRO*

Абросимова В.Д.¹, Кащенко Г.А.², Швачко Н.А.⁴, Бойцова М.В.⁵

- 1 — ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России» (ФГАОУ ВО Сеченовский Университет), Москва 119991; E-mail: vikaabrosimova041105@gmail.com
2 — ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА им. К.А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ—МСХА им. К.А. Тимирязева), Москва 127550; E-mail: grigory.kashchenko@mail.ru
3 — ФГБНУ «Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова» (ФГБНУ ВИР), Санкт-Петербург 190000
4 — ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)» (ФГАОУ ВО МФТИ), Москва 141701

Род *Magnolia* L. насчитывает 224 вида и представлен как листопадными, так и вечнозелеными деревьями и кустарниками, культивируемыми в регионах с тропическим, субтропическим и умеренным климатом. Представители рода ценятся за выдающиеся декоративные качества и востребованы в качестве материала для озеленения городов на Черноморском побережье Кавказа, п-ове Крым, Астраханской, Ростовской области и на Дальнем Востоке. Представители семейства магнолиевые *Magnoliaceae* Juss. играют важную роль в традиционной и современной медицине Японии, Китая и Мексики благодаря своим биологическим и фармакологическим свойствам. Хонокиол и магнолол обладают медицинским потенциалом в борьбе против рака, а также могут быть использованы в качестве биопрепаратов против вредителей с/х культур.

На территории РФ в культуре ряд видов поддерживается в Ботаническом саду Петра Великого Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН (Санкт-Петербург), дендрологическом саду им. Р.И. Шредера РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева (Москва), Ботаническом саде-институте ДВО РАН (Владивосток), парке «Южные культуры» (Федеральная территория Сириус, Сочи), Никитском ботаническом саду (Ялта). К числу этих видов относятся магнолия крупноцветковая *M. grandiflora* L., магнолия лекарственная *M. officinalis* Rehder & E.H. Wilson, магнолия длиннозаостренная *M. acuminata* (L.) L., *M. kobus* DC., магнолия обратнойцевидная *M. obovata* Thunb., магнолия Зибольда *M. sieboldii* K. Koch, магнолия Суланжа *M. × soulangeana* Soul.-Bod. и т.д.

Традиционно магнолии размножают семенами, прививкой и укоренением стеблевых черенков, но всхожесть семян относительно низкая, а черенки часто обладают плохой способностью к укоренению. Для получения большого количества устойчивого к

заболеваниям и генетически идентичного посадочного материала активно задействуются технологии микроклонального размножения.

Лабораторный блок работ проведен на базе кафедры биотехнологии ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева. Материал для микроклонального размножения – почки и семена магнолии лекарственной, магнолии сильнозаостренной, магнолии Зибольда, магнолии кобус и магнологии цилиндрической *M. cylindrica* Е.Н. Wilson предоставлен сотрудниками Дендрологического сада им. Р.И. Шредера РАН в третьей декаде сентября 2024 года. Для каждого вида взято по 30 семян и 15 почек. Исключение – магнолия лекарственная (30 семян и 5 почек). Асептические условия введения обеспечивались использованием разбавленного раствора хлорида ртути (с дальнейшей промывкой материала в дистиллированной воде). Работы проводились в стерильном ламинар-боксе, с предварительно автоклавированными посудой и инструментами, фильтровальной бумагой. Для введения эксплантов в культуру *in vitro* выбраны среды Андерсона, Гамборга (B5) и Мурасиге-Скуга, с добавлением 0,15 мг/л 6-БАП (наибольшей выживаемостью характеризовались экспланты на среде Гамборга). Семена дополнительно проходили стратификацию в период с октября по февраль (5 месяцев), при постоянной температуре 5°C, с дальнейшей скарификацией. Растительный материал поддерживался в контролируемых условиях на световых установках при температуре +25°C и 14-часовом световом дне.

Подавляющая часть почек погибла в результате выхода инфекции в течении первых 1,5–2 недель с момента начала эксперимента. Экспланты магнолии Зибольда и магнологии длиннозаостренной, хотя и имели самый высокий процент выживаемости по сравнению с другими видами (чья смертность достигала свыше 98%) оказались неустойчивы к избыточной влажности, возникающей в результате образования конденсата. Самой высокой всхожестью обладали эти же виды, однако данный показатель достигал лишь 15-20% от общего количества семян (в случае других видов диапазон составил 0-2%). Полученные и уже существующие в литературе результаты подтверждают необходимость дальнейших исследований по внедрению методик сохранения видов рода *Magnolia* в культуре *in vitro*, повышения процента всхожести семян и поддержания клеточных культур в т.ч. с целью сохранения нативных популяций, страдающих от возрастающей антропогенной нагрузки и рекреационной деятельности человека.

Авторы выражают благодарность к.б.н., доценту кафедры молекулярной селекции, клеточных технологий и семеноводства РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева – Матюхину Д.Л. и к.б.н., сотруднику кафедры декоративного садоводства и газоноведения РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева – Сохоненко А.Н., за предоставленные материалы для исследований.

ВЛИЯНИЕ ЭКЗОГЕННОЙ ОБРАБОТКИ САЛИЦИЛОВОЙ КИСЛОТОЙ НА РОСТ ПЫЛЬЦЕВЫХ ТРУБОК ПРИ САМОНЕСОВМЕСТИМОМ ОПЫЛЕНИИ *PETUNIA HYBRIDA* E. VILM.

Артюшин А.В.¹, Бухарова А.Р.², Молчанова Т.П.¹, Захарова Е.В.¹

**1 – Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной
биотехнологии (ФГБНУ ВНИИСБ), 127550, Москва, ул. Тимирязевская, 42,
izbrannyi1@yandex.ru;**

**2 – Российский государственный университет народного хозяйства
имени В. И. Вернадского (ФГБОУ ВО РГУНХ им. В. И. Вернадского),
143907, Московская область, г. Балашиха, ул. Шоссе Энтузиастов, д. 50**

Самонесовместимость (СН) представляет собой генетически детерминированный механизм, предотвращающий самооплодотворение и способствующий аутбридингу у покрытосеменных растений. У представителей семейства Solanaceae, к которому относится *Petunia hybrida* E. Vilm, самонесовместимость контролируется многоаллельным S-локусом. Ключевым событием механизма СН является ингибирование роста пыльцевой трубки в столбике пестика, что предотвращает достижение ею зародышевого мешка. Известно, что сигнальные пути, опосредованные салициловой кислотой (СК), участвуют в регуляции широкого спектра физиологических процессов, включая ответ на биотический и абиотический стресс.

В последнее время появляются данные о потенциальной роли СК в модуляции репродуктивных процессов, в частности, в преодолении барьеров несовместимости.

Целью данной работы являлось изучение влияния экзогенной обработки салициловой кислотой на прорастание и рост пыльцевой трубки у *Petunia hybrida in vivo*. Кастрированные накануне эксперимента цветки петунии обрабатывали водным раствором салициловой кислоты (СК) в концентрациях 10^{-3} М, 10^{-6} М, 10^{-9} М и 10^{-12} М путём нанесения капли раствора на рыльце пестика. Далее проводили опыление собственной пылью (самонесовместимое). Обработку проводили одновременно с опылением, в другом варианте за два часа до опыления. Для каждого варианта использовалась двукратная повторность. Для визуализации роста пыльцевых трубок использовали окрашивание анилиновым голубым.

Полученные данные демонстрируют чёткую зависимость роста пыльцевых трубок при самонесовместимом опылении от концентрации салициловой кислоты и схемы обработки. При одновременной обработке СК и опылении рост пыльцевых трубок наблюдался только в вариантах с низкими концентрациями СК (10^{-9} – 10^{-12} М) и длина пыльцевых трубок составляла 67 – 233 мкм через 2 часа после опыления. В случае высоких концентраций (10^{-3} М – 10^{-6} М) пыльцевые трубки не прорастали. В варианте с опылением через 2 часа после обработки рост пыльцевых трубок наблюдался во всех протестированных концентрациях, кроме 10^{-12} , достигая максимальных значений 646 мкм при 10^{-6} М. В сравнении с контролем (без обработки) СК оказывает ингибирующее действие на рост пыльцевых трубок петунии при самонесовместимом опылении.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM-2025-0003).

ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ НА РОСТОВЫЕ ПАРАМЕТРЫ ПРОРОСТКОВ РОЖКОВОГО ДЕРЕВА (*CERATONIA SILIQUA* L.) *IN VITRO*

Салех Абдулрахман¹, Ковалев В.С., Калашникова Е.А.², Киракосян Р.Н.¹

¹ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени К.А. Тимирязева», Москва, 127550

²ФГБУН Институт физиологии растений имени К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, 127276

E-mail: mia41291@mail.ru

Рожковое дерево (*Ceratonia siliqua* L.) - вечнозелёное бобовое растение, распространённое в Средиземноморье и на Ближнем Востоке. Оно обладает высокой засухоустойчивостью, способностью к симбиотической фиксации азота и ценится за плоды, богатые сахарами, белками, минералами и полифенолами. Плоды широко применяются в пищевой, косметической и фармацевтической промышленности; в народной и традиционной медицине их используют при желудочно-кишечных расстройствах, гипертонии и сахарном диабете [1]. Однако естественное размножение ограничено низкой и неравномерной всхожестью семян, обусловленной плотной водонепроницаемой оболочкой (физический покой) [2]. В таких условиях биотехнологические методы, в частности, культивирование *in vitro*, становятся ключевыми для получения жизнеспособного и генетически однородного посадочного материала.

Цель работы - изучить влияние минерального и гормонального состава питательной на ростовые параметры проростков рожкового дерева (*Ceratonia siliqua* L.).

Объектом исследования служили созревшие семена *Ceratonia siliqua*, собранные в лесном парке Буга (35° 32' 7,5918718614" северной широты и 35° 48' 25,5941514298 восточной долготы), принадлежащем Арабскому институту лесного хозяйства, Латакия, Сирия, в сентябре 2023 года. Для преодоления физического покоя проводили предпосевную обработку семян горячей водой (80 °C и оставляли замачиваться на 48 часов) [3], после чего их стерилизовали 0,1 % раствором HgCl₂ в течение 12 мин с трехкратной промывкой стерильной дистиллированной водой.

Стерильные семена культивировали в пластиковых контейнерах с агаризованными средами по прописи MS [4] и WPM [5] (pH 5,8), содержащими сахарозу (20 г/л), активированный уголь (1 г/л), 1 г/л поливинилпирролидоном (PVP) и регуляторы роста: нафтилуксусная кислота (НУК), 6-бензиламинопурин (БАП), гибберелловая кислота (ГКЗ) в концентрации 0,5 мг/л, как по отдельности, так и в сочетаниях. Культивирование осуществляли при температуре 23 ± 1 °C, 16-часовом фотопериоде и освещенности PPFD = 97,28 µmol/(m²·s). Учёт всхожести проводили в течение 20 суток, морфометрические показатели (длина побега и корня, количество междоузлий, коэффициент размножения) — на 30-е и 60-е сутки.

Сравнительная оценка ростовых и морфогенных параметров *Ceratonia siliqua* L. при культивировании на средах MS и WPM с различными гормональными добавками показала, что эффективность той или иной среды определяется не только минеральным составом, но и типом фитогормонов и адсорбентов. Установлено, что наиболее эффективным вариантом была среда по прописи MS с добавлением 0,5 мг/л БАП, обеспечивающий максимальную

высоту побегов ($5,42 \pm 0,18$ см), развитую корневую систему ($4,76 \pm 0,14$ см), наибольшее число междоузлий ($8,6 \pm 0,3$) и высокий коэффициент размножения ($10,3 \pm 0,4$), что согласуется с данными других авторов по использованию умеренных концентраций цитокининов при пролиферации древесных бобовых [1, 2]. У растений отмечалась интенсивная зелёная пигментация, отсутствие признаков витрификации или некроза, а также равномерное формирование пазушных почек - признаки стабильного меристематического потенциала. Стоит отметить, что в варианте с культивированием семян на питательной среде WPM + 0,5 мг/л БАП, учитываемые показатели уступали варианту MS с добавлением 0,5 мг/л БАП- длина побега составила $4,31 \pm 0,21$ см (меньше на 20 %) и коэффициент размножения был $7,8 \pm 0,3$ (меньше на 19%). Это согласуется с данными о том, что среда WPM, разработанная для зрелых древесных тканей, обладает пониженным уровнем азота и калия, что ограничивает клеточное деление у молодых проростков в фазе активного роста [5]. В то же время вариант с использованием WPM демонстрировал меньшую вариативность роста, что может быть предпочтительно при длительном поддержании культуры.

Добавление PVP (поливинилпирролидона) во все варианты сред сопровождалось снижением показателей на 18-27 % по сравнению с «чистым» БАП-вариантом. Хотя PVP эффективно подавляет фенольное окисление на раннем этапе стерилизации, при продолжительном культивировании он неселективно адсорбирует регуляторы роста и микроэлементы (в частности, Zn^{2+} и Cu^{2+}), снижая их биодоступность. Это особенно выражено у рожкового дерева, чьи семена содержат умеренный уровень фенолов [1], и PVP здесь не дает существенного преимущества.

Комбинация НУК + ГКз оказалась наименее эффективной: растения характеризовались слабым, искривлённым ростом, мелкими листьями, так как гиббереллины в отсутствие достаточного цитокининового фона стимулируют гипертрофический рост без листовой дифференцировки, что подтверждается минимальным числом междоузлий (3,8-4,9). Аналогичные данные получены у *Robinia pseudoacacia*, где НУК более 0,1 мг/л резко усиливал каллусогенез и подавлял органогенез.

Добавление активированного угля в среду с БАП дало неоднозначный результат: на среде MS коэффициент размножения снизился с 10,3 до 7,5, а на WPM - с 7,8 до 5,4. Хотя уголь адсорбирует токсичные фенольные соединения, он также снижает эффективную концентрацию фитогормонов: в нашем случае - биодоступность БАП. У рожкового дерева уровень окисления фенолов заметно ниже, чем у других древесных культур, поэтому преимущества адсорбции не компенсируют потери гормональной активности.

Таким образом, для пролиферации *Ceratonia siliqua* L. на этапе массового размножения рекомендуется использовать MS + 0,5 мг/л БАП, а в случае необходимости сдерживания роста (например, для преадакклиматизации) - WPM + 0,5 мг/л БАП. Все остальные дополнительные компоненты (PVP, ГКз, активированный уголь в комбинации с БАП) снижают эффективность клонального микроразмножения и нецелесообразны на данном этапе.

Работа была выполнена при финансовой поддержке государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ, № 122042600086-7.

Список литературы:

1. El Deen E. M. Z. et al. Studies on carob (*Ceratonia siliqua* L.) propagation //IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science. – 2014. – Т. 7. – №. 5. – С. 31-40.
2. Lozzi A. et al. Development of a new culture medium and efficient protocol for in vitro micropropagation of *Ceratonia siliqua* L //In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant. – 2019. – Т. 55. – №. 5. – С. 615-624.
3. Nia S. et al. Effect of pre-sowing treatments and basal media on in vitro carob (*Ceratonia siliqua* L.) seed germination //Journal of Biotech Research. – 2021. – Т. 12. – С. 74-82.

4. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures // *Physiol. Plant.* 1962. Vol. 15. P. 473–497.
5. McCown B.H., Lloyd G. Woody Plant Medium (WPM) — A mineral nutrient formulation for microculture of woody plant species // *HortScience.* 1981. Vol. 16. P. 453.

EVALUATION OF MORPHOLOGICAL CHANGES DURING CLONAL STAGES OF *ARONIA MELANOCARPA* (MICHX.) ELLIOT PROPAGATION UNDER *IN VITRO* CONDITIONS

Abduganiyeva D.O.

Biochemistry institute, Samarkand State University named Sharof Rashidov, 140104,
Samarkand, Uzbekistan. E-mail: dildora_0692@mail.ru

Abstract. In this study, changes in the morphometric parameters of microclones during the stages of *Aronia melanocarpa* (Michx.) Elliot microclonal propagation under *in vitro* conditions were investigated. One-month-old explants obtained from seedlings were transferred to a modified Murashige and Skoog (MS) medium supplemented with BAP (6-benzylaminopurine) and designated as the initial stage of microclonal propagation. The differences in parameters such as total microclone length, microshoot length, and number of leaves among four clonal stages (Mk1–Mk4) were analyzed.

Keywords: *Aronia melanocarpa*, *in vitro*, microclonal propagation, BAP, clonal stage, microshoot.

Introduction. During the process of plant microclonal propagation under *in vitro* conditions, specific physiological and morphological changes are observed at different clonal stages. At these stages, the growth rate, number of shoots, and leaf formation largely depend on the composition of the culture medium, especially on the concentration of cytokinins. In some plant species, up to 17 clonal stages have been reported under *in vitro* conditions, while others reach a high multiplication coefficient within a shorter period. The present study was conducted to evaluate the morphometric changes of *A. melanocarpa* during the first four microclonal stages (Mk1–Mk4).

Materials and Methods. As plant material, one-month-old *A. melanocarpa* explants germinated from seeds were used. The initial clonal stage (Mk1) began when explants were transferred to a modified MS medium supplemented with 1.0 mg/L BAP. Each clonal stage lasted for 21 days, and at the end of each stage, the total length of microclones, average microshoot length, number of leaves per plant, and number of leaves per microshoot were measured [1]. Mean values were determined based on five replications, and growth rates as well as differences among the clonal stages were analyzed. The number of microshoots was determined by counting shoots longer than 2 mm (Banjac, 2020) [2, 3, 4, 5]

Results and Discussion. At the initial Mk1 stage, 12 microclonal plantlets were obtained. From Mk1 to Mk4, the total length of microclone increased from 1.58 cm to 5.08 cm, showing a difference of 3.58 cm. The highest growth rate was recorded between Mk2 and Mk3 stages, with an average difference of 1.56 cm. In the Mk3 stage, the microshoots reached a mature

developmental state and exhibited the most optimal morphological characteristics for subsequent root formation (table 1)

Table 1. Morphological development parameters of *A. melanocarpa* at different clonal stages.

№	Microclon length (cm)	Microshoot length (cm)	Number of microshoot (unit)	Number of leaves (unit)
Mk1	1,54 ± 0,13	1,22 ± 0,06	3 ± 0,81	3,84 ± 0,26
Mk2	2,76 ± 0,27	2,34 ± 0,11	5,7 ± 1,25	6,32 ± 0,32
Mk3	4,32 ± 0,35	2,70 ± 0,30	18,3 ± 2,62	7,52 ± 0,51
Mk4	5,08 ± 0,18	3,99 ± 0,22	13,3 ± 2,62	10,8 ± 0,48

The microshoot length at the Mk1 stage was 1.22 cm, and it increased by 0.86 cm and 0.79 cm at the Mk2, Mk3, and Mk4 stages, respectively. However, the growth increment at each stage followed a decreasing trend.

The number of microshoots in Mk2 was twice that of Mk1, while in Mk3 it was six times higher. Although the number of microshoots slightly decreased at the Mk4 stage, the shoots exhibited the best morphological quality in terms of length and leaf size. The average number of microshoots at Mk4 was 10.8.

The number of leaves also increased progressively across the stages, showing a threefold rise at Mk4 compared to the initial stage (with an average of 10.8 leaves). The maximum number of microshoots (18.3) was recorded at the Mk3 stage, indicating that this phase represented the period of the highest efficiency of microclonal propagation (Fig. 1).

Figure 1. Clonal stages of *A. melanocarpa*: A) Mk1 – initial microclonal stage, B) Mk2 – second microclonal stage, C) Mk3 – third microclonal stage, D) Mk4 – fourth microclonal stage.

Conclusion. The results of this study demonstrated a clear growth trend among the four clonal stages of *A. melanocarpa* under in vitro conditions in terms of growth dynamics, microshoot formation, and leaf number. The highest microclonal growth rate was recorded at the Mk3 stage, indicating that this stage is optimal for micropropagation and root induction. Although the number of microshoots slightly decreased at the Mk4 stage, the morphological quality parameters improved considerably. These findings are of great significance for the development of a stable clonal propagation technology for *A. melanocarpa* under in vitro conditions.

References

1. Murashige T., Skoog F. (1962). A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiol. Plantarum*, 15: 473–497.
2. Banjac, B. (2020). *Micropropagation of woody plants in vitro: morphological and physiological parameters*. *Plant Cell Rep.*, 39(4): 621–632.

3. George, E.F., Hall, M.A., De Klerk, G.-J. (2008). *Plant Propagation by Tissue Culture*. Springer.
4. Borsai, O., Clapa, D., Fira, A., Hârta, M., Szabo, K., Dumitraş, A. F., & Pamfil, D. (2021). *In vitro propagation of Aronia melanocarpa (Michx.) Elliott. Acta Horticulturae*, 1308, 213–222. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2021.1308.30>.
5. Borkheyli, M. M., Miri, S. M., & Nabigol, A. (2021). *In vitro multiplication and rooting of GF677 rootstock. Journal of Horticulture and Postharvest Research*, 4(2), 243-252. <https://doi.org/10.22077/jhpr.2020.3608.1157>

РАЗРАБОТКА ТЕХНОЛОГИИ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ СЕКВОИ ВЕЧНОЗЕЛЁНОЙ (*SEQUOIA SEMPERVIRENS* (D. DON) ENDL.) *IN VITRO*

Болотина Е.А.¹, Зайцева С.М.¹, Калашникова Е.А.², Киракосян Р.Н.¹

**¹ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени
К.А. Тимирязева», Москва, 127550**

**²ФГБУН Институт физиологии растений имени К.А. Тимирязева Российской
академии наук, Москва, 127276**

E-mail: mia41291@mail.ru

Секвойя вечнозелёная (*Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl.) - древнейшее реликтовое хвойное растение, эндемик узкой прибрежной полосы Калифорнии и Орегона. Это - самое высокое дерево на Земле (до 115 м), достигающее возраста свыше 2500 лет [1,2]. В природе секвойя сталкивается с крайне низкой семенной продуктивностью: по оценкам, лишь 1 из 1 млн семян даёт жизнеспособный сеянец [3]. При этом антропогенное давление и сокращение ареала ставят вид под угрозу. Биотехнологические методы, в частности, клональное микроразмножение *in vitro*, позволяют решить проблему дефицита посадочного материала, сохранить генетическое разнообразие и создать коллекции редких видов в ботанических садах [4,5].

Целью работы явилась разработка эффективного протокола клонального микроразмножения *S. sempervirens in vitro*, а также изучение локализации вторичных метаболитов в микроклонах.

Объектом исследования служили черенки однолетних побегов секвойи, заготовленные в ноябре-декабре 2022 г. в оранжерее Главного ботанического сада им. Н.В. Цицина РАН (г. Москва). Черенки подвергали двухэтапной стерилизации: 5 мин в слабом растворе перманганата калия, затем 18 мин в 0,1 % растворе HgCl₂ с трехкратной промывкой стерильной дистиллированной водой. После обработки черенки культивировали в пробирках с агаризованной безгормональной средой по прописи Мурасиге и Скуга (MS), pH 5,8, дополненной 1 г/л поливинилпирролидоном (PVP) для подавления окисления фенолов [6,7]. Культивирование проводили при температуре 23 ± 1 °С, 16-часовом фотопериоде и освещённости 150 мкмоль/(м²·с). Через 35–40 суток выросшие микропобеги переносили на среды с различными гормональными сочетаниями.

ФГБУН ВНИИСБ, 2025 г.

На заключительном этапе укоренённые микроклоны адаптировали к условиям *ex vitro* в субстрате (почва:песок:перлит = 1:1:1) под полиэтиленовым колпаком при влажности воздуха 85–90 %.

Оптимальным режимом стерилизации признана обработка 0,1 % HgCl_2 в течение 18 мин: в этом варианте достигнута стерильность 82,1 % и жизнеспособность 85 % эксплантов. Увеличение времени до 20 мин увеличило стерильность до 91 %, но более 40 % черенков оказались некультивируемыми.

Установлено, что среда MS превосходит WPM: коэффициент размножения в варианте с использованием среды MS составил $9,4 \pm 1,2$, средняя длина побегов - $12,5 \pm 2,1$ см; на WPM - 1,3 и 7,3 см соответственно, с частыми явлениями каллусогенеза и витрификации. Далее, для индукции побего- и корнеобразования протестировано 10 гормональных вариантов питательных сред. Наиболее эффективными оказались две комбинации: 2 мг/л 2,4-Д + 0,5 мг/л БАП + 0,5 мг/л НУК- коэффициент размножения $14,8 \pm 0,3$, частота корнеобразования $70,4 \pm 2,9$ %, а во втором варианте 2 мг/л 2,4-Д + 2 мг/л 2iP - коэффициент размножения $17,2 \pm 0,3$, корней $12,7 \pm 0,3$ на растение.

В вариантах с добавлением ИУК, ИМК или НУК по отдельности (3 мг/л) корнеобразование отмечено не было. Примечательно, что укоренение происходило преимущественно через каллусную ткань, что требует дальнейшей оптимизации для получения прямых корней.

Стоит отметить, что 87,5 % микроклонов были адаптированы к условиям *ex vitro*. Через 5 месяцев их высота достигала 26–30 см при активном развитии боковых побегов.

Впервые показано, что вторичные метаболиты (полифенолы, флавановые, терпеноиды) в микроклонах локализованы в тех же тканях, что и у материнского растения - в эпидермисе, паренхиме, проводящих пучках побегов, игл и корней. Особенно интенсивное накопление флаванов наблюдалось в паренхиме вокруг проводящих тканей и в идиобластах каллуса, формирующемся в зонах морфогенеза. Это свидетельствует о сохранении биохимической активности культуры *in vitro* и её потенциале как источника биологически активных соединений.

Таким образом, разработан протокол клонального микроразмножения *S. sempervirens*, включающий: стерилизацию черенков 0,1 % HgCl_2 (18 мин), культивирование на безгормональной среде MS + PVP, размножение на MS + 2 мг/л 2,4-Д + 0,5 мг/л БАП + 0,5 мг/л НУК (или +2 мг/л 2iP), укоренение на той же среде, адаптацию при высокой влажности воздуха. Полученные микроклоны могут использоваться для пополнения коллекций ботанических садов, реинтродукции и фармакологического скрининга.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда в рамках научного проекта № 24-76-00070 «ПОЛУЧЕНИЕ КЛЕТОЧНЫХ КУЛЬТУР IN VITRO РЕЛИКТОВЫХ И НАХОДЯЩИХСЯ ПОД УГРОЗОЙ ИСЧЕЗНОВЕНИЯ ГОЛОСЕМЕННЫХ РАСТЕНИЙ РОДА *Sequoia* И ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОЙ

АКТИВНОСТИ ЕЕ МЕТАБОЛИТОВ» (ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет - МСХА им. К.А.Тимирязева»).

Список литературы:

1. Francis E. J. et al. Landscape scale variation in the hydrologic niche of California coast redwood // *Ecography*. 2020. Vol. 43, № 9. P. 1305–1315.
2. Brown P. M. OLDLIST: A database of maximum tree ages // *Tree rings, environment, and humanity*. 1996. P. 727–731.
3. Carroll A. L., Sillett S. C., Kramer R. D. Millennium-scale crossdating and inter-annual climate sensitivities of standing California redwoods // *PloS one*. 2014. Vol. 9, № 7. P. e102545.
4. Sillett S. C. et al. How do tree structure and old age affect growth potential of California redwoods? // *Ecological Monographs*. 2015. Vol. 85, № 2. P. 181–212.
5. Kirakosyan R. N. et al. Localization of Secondary Metabolites in Relict Gymnosperms of the Genus *Sequoia* In Vivo and in Cell Cultures In Vitro, and the Biological Activity of Their Extracts // *Life*. 2024. Vol. 14, № 12. P. 1694.
6. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures // *Physiol. Plant*. 1962. Vol. 15. P. 473–497.
7. McCown B. H., Lloyd G. Woody Plant Medium (WPM) — A mineral nutrient formulation for microculture of woody plant species // *HortScience*. 1981. Vol. 16. P. 453.

ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ НА МОРФОГЕНЕЗ *ROBINIA PSEUDOACACIA* L. IN VITRO

Богданов О.В.¹, Калашникова Е.А.², Киракосян Р.Н.¹

¹ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени
К.А. Тимирязева», Москва, 127550

²ФГБУН Институт физиологии растений имени К.А. Тимирязева Российской
академии наук, Москва, 127276

E-mail: mia41291@mail.ru

Робиния лжеакациевая (*Robinia pseudoacacia* L.) - быстрорастущее азотфиксирующее дерево семейства Fabaceae, родом из Северной Америки, интродуцированное в Европу ещё в XVII веке. Благодаря симбиозу с клубеньковыми бактериями рода *Ensifer* (*Rhizobium*), робиния способна осваивать бедные, эродированные, кислые и засоленные почвы, обогащая их азотом и улучшая агроэкологические условия для последующих культур [1]. В лесном хозяйстве она используется как лесомелиоративная, почвоулучшающая, энергетическая и декоративная культура - для укрепления склонов, рекультивации промышленных пустошей, создания защитных лесополос в засушливых

регионах, а также в городском озеленении. Однако дикорастущие формы растения обладают высокой инвазивностью, склонностью к обильной корневой поросли и неравномерной семенной всхожестью. В связи с этим особую актуальность приобретает разработка биотехнологических подходов к получению малопорослевых, неинвазивных, генетически стабильных клонов, в том числе с помощью клонального микроразмножения *in vitro* [2].

Основная сложность *in vitro* культивирования деревьев, особенно представителей семейства бобовых, заключается в их высокой чувствительности к составу питательной среды, склонности к окислению фенольных соединений и нежелательному каллусогенезу. В литературе отмечается, что эффективность клонального микроразмножения *R. pseudoacacia* зависит от выбора экспланта (апикальные или пазушные почки, нодальные сегменты, гипокотили), типа питательной среды (MS, WPM, DKW) и фитогормонального фона [3]. Хотя предпочтение часто отдаётся специализированным средам (например, DKW для некоторых селекционных форм), в практической работе широко применяется среда Мурасиге и Скуга (MS) из-за её доступности и универсальности [4]. Особенно важно контролировать каллусогенез, так как его избыток повышает риск соматической изменчивости.

Целью настоящей работы явилась оптимизация состава питательной среды на основе MS для всех этапов клонального микроразмножения *R. Pseudoacacia*. В качестве объекта использовали семена урожая 2023 г., собранные на территории кампуса РГАУ–МСХА (г. Москва). Для преодоления физического покоя проводили предпосевную обработку семян горячей водой (80 °C, 48 ч), после чего их стерилизовали 0,1 % раствором HgCl₂ в течение 8 мин с двукратной промывкой стерильной дистиллированной водой.

Стерильные семена культивировали в культуральных сосудах с агаризованной средой MS (pH 5,8), варьируя концентрацию сахарозы (15–30 г/л), наличие активированного угля (1 г/л) и регуляторов роста: индолил-3-уксусная кислота (ИУК), индолил-3-масляная кислота (ИМК), нафтилуксусная кислота (НУК), 6-бензиламинопурин (БАП), кинетин в концентрациях от 0,5 до 2,0 мг/л, как по отдельности, так и в комбинациях. Культивирование осуществляли при температуре 23 ± 1 °C, 16-часовом фотопериоде и освещенности PPFD = 97,28 μmol/(m²·s). Учёт всхожести проводили в течение 30 суток, морфометрические показатели (длина побега и корня, количество междоузлий, коэффициент размножения) — на 30-е и 60-е сутки.

Применённая схема стерилизации обеспечила асептичность культуры в 90-95 % случаев. Прорастание семян наступало на 5-6-е сутки, всхожесть в контрольном варианте (безгормональная среда MS) составила 70 %. Установлено, что концентрация сахарозы 30 г/л оказывает достоверно положительное влияние на рост микрорастений: длина побега увеличилась с 4,3 см (15 г/л) до 7,2 см, а количество междоузлий - с 4,0 до 6,1. Добавление активированного угля дополнительно усилило эти эффекты: высота побега достигла 7,4 см, количество междоузлий - 6,3, при этом отмечалась более интенсивная зелёная пигментация листьев, свидетельствующая о лучшем физиологическом состоянии растений.

Среди протестированных сочетаний регуляторов роста наиболее сбалансированный рост (без образования каллуса) обеспечила среда MS + ИМК (0,5 мг/л) + активированный уголь (1 г/л): длина побега составила $9,37 \pm 0,31$ см, корней- $17,17 \pm 0,58$ см, коэффициент размножения $-14,70 \pm 0,69$. Вариант MS + ИУК (0,5 мг/л) + активированный уголь показал максимальный коэффициент размножения ($16,77 \pm 0,91$), однако с несколько меньшей длиной корней (5,39 см). Интересно, что в отсутствие адсорбента ИМК (0,5 мг/л) вызывала лишь умеренное корнеобразование (9,31 см) и слабый рост побегов (4,22 см), тогда как совместно с активированным углем эффект усиливался более чем вдвое.

Активированный уголь в подавляющем большинстве случаев (кроме сочетания с БАП) эффективно подавлял каллусогенез. Так, НУК (0,5 мг/л) в отсутствие угля вызывал образование желтого рыхлого каллуса (диаметр примерно 2,3 см), а при добавлении угля каллус полностью отсутствовал, но резко возрастал коэффициент размножения (с 4,16 до 9,41). В то же время сочетание БАП (1 мг/л) с активированным углем не ингибировало, а, напротив, усиливало каллусообразование (масса 2,65 г), что указывает на специфическое взаимодействие цитокининов с адсорбентом.

Для индукции каллусных линий (в целях генетической трансформации или получения вторичных метаболитов) наиболее эффективной оказалась комбинация НУК (2,0 мг/л) + кинетин (0,5 мг/л): масса каллуса достигала $5,20 \pm 0,31$ г. Однако именно среды с БАП (0,5 мг/л) в сочетании с НУК или 2,4-Д (2,0 мг/л), несмотря на меньшую биомассу каллуса (2,05–2,08 г), обеспечивали регенерацию побегов из каллусной ткани, что принципиально важно для получения целостных растений.

Таким образом, для массового клонирования робинии рекомендуется использовать прямой органогенез на среде MS + ИМК (0,5 мг/л) + активированный уголь (1 г/л). Такой протокол минимизирует риск соматической изменчивости, обеспечивает высокий коэффициент размножения и получение жизнеспособных, хорошо укоренённых микрорастений, готовых к адаптации *ex vitro*. Полученные результаты создают основу для стандартизации биотехнологического производства посадочного материала *R. pseudoacacia*, ориентированного на применение в лесовосстановлении, мелиорации и городском озеленении.

Работа была выполнена при финансовой поддержке государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ, № 122042600086-7.

Список литературы:

1. Buda G., Nagy J., Kiss E. et al. Optimisation of in vitro propagation protocols for black locust (*Robinia pseudoacacia* L.) // Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 2023. Vol. 152, № 2. P. 321–335.
2. George E. F., Hall M. A., De Klerk G.-J. Plant Propagation by Tissue Culture. 3rd ed. Dordrecht: Springer, 2008. 577 p.
3. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue

4.Калашникова Е.А., Зайцева С.М., Доан Т.Т., Киракосян Р.Н. Влияние регуляторов роста на морфогенетическую активность эксплантов *Dioscorea nipponica* Makino и образование полифенолов // Международный научно-исследовательский журнал. 2020. № 6-2 (96). С. 6–11.

ПОТЕНЦИАЛЬНОЕ ДЕЙСТВИЕ ПРОДУКТОВ МЕТАБОЛИЗМА ЭНДОФИТОВ *B. SUBTILIS* НА НАКОПЛЕНИЕ ПИГМЕНТОВ РАСТЕНИЯМИ БАЗИЛИКА

Авакумов А.Д.¹, Анисимов А.А.¹, Махинова Е.Ю.¹

***1 - ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени
К.А. Тимирязева» (РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева), 127434, г. Москва, ул.
Тимирязевская, 49,
E-mail: a.avakumov@rgau-msha.ru***

Пигменты имеют крайне важное значение в процессах синтеза и распада у растений и могут прямо или косвенно свидетельствовать о состоянии метаболизма и потенциальной продуктивности.

В первую очередь, при изучении показателей продуктивности интересует состояние фотосинтетического аппарата, а именно, хлорофилла. Однако не меньший интерес представляют пигменты фенольной природы, особенно при наличии у растения симбиотических отношений с микроорганизмами.

Так, проникновение эндофитов в растение возможно как горизонтально, то есть от материнского растения к семени, так и вертикально, через филло- или ризосферу [1]. В этом случае механизм проникновения аналогичен с фитопатогенными микроорганизмами, что может вызвать иммунный ответ растения, например, повышение концентрации флавоноидов, которым приписывают свойства фитоалексинов, или антоцианов, выполняющих антиоксидантную функцию [2].

Дополнительно фенолы регулируют рост и развитие растений, входя в комплексы с фитогормонами (β-ингибиторный комплекс с АБК) и поддерживая их действие, например, за счёт ингибирования ИУК-оксидазы. Эндофиты активно осуществляют синтез гормональных веществ, и оказывают влияние на ростовые процессы в растениях, что также может быть связано с накоплением ими фенолов [1, 4].

В качестве источников эндофитов использовались листовые экспланты растений мяты перечной сорта Кубанская 6, полученные из которых по ранее отработанной методике [3] бактериальные колонии пересеивались на жидкую картофельно-глюкозную среду с дальнейшим получением культуральной жидкости, фильтрат которой применялся в качестве ростстимулирующего препарата для модельных растений базилика. Посевной материал базилика сорта Фиолетовый замачивался в воде с добавлением фильтрата и высевался в условиях вегетационного опыта в оранжерее с искусственным освещением лаборатории искусственного климата кафедры физиологии растений РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева. По прошествии 60 дней от всходов было определено содержание пигментов

при помощи прибора Dualex Scientific+, а также была проведена оценка ростовых параметров и урожайности.

У всех опытных вариантов наблюдались достоверно более высокие значения концентрации флавоноидов (0,56 и 0,65 мкг/см² в контроле и опыте соответственно) и антоцианов (0,62 и 0,69 мкг/см² в контроле и опыте соответственно), при этом по содержанию хлорофиллов опытные варианты уступали контролю. При наличии результатов измерения сырой массы опытных растений, показавших также значительное превышение над контролем (19,33 и 22,73 г/сосуд в контроле и опыте соответственно), можно высказать предположение о наличии стимулирующего влияния выделенных эндофитов на ростовые процессы и накопление антоцианов и флавоноидов растениями базилика.

Библиографический список

1. Гельцер, Ф. Ю. Симбиоз с микроорганизмами - основа жизни растений / Ф. Ю. Гельцер. — М. : Издательство МСХА, 1990. — 134 с. — Текст : непосредственный.
2. Махкамов С.А., Насметова С.М., Гулямова Т.Г. Антиоксидантная активность ресвератрол-продуцирующих эндофитных грибов местных сортов винограда // *Universum: химия и биология : электрон. научн. журн.* 2022. 10(100).
3. Сухоруков, А. И. Методика выделения эндосимбионтов из листовых эксплантов *Vaccinium vitis-idaea* / А. И. Сухоруков, А. Д. Авакумов, Е. А. Чернятьева // Актуальные вопросы развития науки и технологий : Сборник статей молодых учёных, Караваево, 04 апреля 2024 года. — Караваево: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Костромская государственная сельскохозяйственная академия", 2024. — С. 57-62. — EDN MEDCPO.
4. Применение эндофитных микроорганизмов для интенсификации ростовых процессов сельскохозяйственных культур / Е. Р. Фасхутдинова, Н. Н. Богачёва, Е. Е. Бородина [и др.]. — Текст : непосредственный // *Техника и технология пищевых производств.* — 2024. — № 4. — С. 820-836.

ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГИДРОПОНИКИ В КУЛЬТИВИРОВАНИИ РАСТЕНИЙ

Авилкина А.В., Махинова Е.Ю.

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА
имени К. А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева), 127434, г.
Москва, ул. Тимирязевская, 49, E-mail: info@rgau-msha.ru*

По данным Продовольственной и сельскохозяйственной организации Объединённых Наций (ФАО), к 2050 году население Земли достигнет 9 миллиардов человек, из которых 75 % будут жить в городах [1]. Ожидается, что в ближайшие десятилетия глобальный спрос

на воду будет расти быстрее, чем численность населения и экономика. В настоящее время на сельское хозяйство приходится 70 % всего потребления пресной воды в мире, и нехватка воды, вызванная изменениями климата, может стать серьезной угрозой для сельского хозяйства.

Одной из самых серьезных проблем станет удовлетворение спроса на продовольствие, поскольку сельскохозяйственные угодья сокращаются из-за изменения климата, нехватки воды, загрязнения почвы и других факторов. В этом контексте гидропоника — метод ведения сельского хозяйства без использования почвы — представляет собой жизнеспособную альтернативу для решения этой проблемы. Подходящий выбор наиболее эффективного метода гидроponики для различных масштабов производства позволит приобрести экономическую целесообразность, ресурсоэффективность, высокую урожайность, устойчивость, надежность и потенциал системы.

Несмотря на разнообразие гидропонных технологий, существует ряд нерешенных вопросов, один из которых - отсутствие унифицированной системы оценки эффективности методов гидроponики для разных масштабов производства (от домашних ферм до промышленных комплексов).

На основе анализа современных научных данных планируем провести сравнительную оценку некоторых классических и инновационных гидропонных методов, выявить оптимальную технологию для четырех сценариев:

1. Небольшие масштабы производства без требования к высокому росту культуры (например, лаборатории образовательных учреждений),
2. Небольшие масштабы производства с требованием к высокому росту зелени и овощей (локальное снабжение, нишевый бизнес, фермерские рынки),
3. Промышленные масштабы без требования к высокой урожайности культур (фармацевтическая и косметологическая отрасль, научно-исследовательские и селекционные центры, Эко-поселения и проекты устойчивого развития, **военные и стратегические объекты**),
4. Промышленные масштабы с требованием к высокому росту и урожайности культур (городские агломерации и регионы с дефицитом сельхозземель, экспортно-ориентированные агрохолдинги, государственные программы продовольственной безопасности, агропромышленные комплексы при промышленных предприятиях)

Систематизация данных планируется по 3-м критериям: урожайность, стоимость внедрения и ресурсоэффективность для 8 гидропонных систем (фитильная, DWC, периодическое затопление, капельное орошение, NFT, аэропоника, вертикальные системы, ионопоника)

На основе планируемых работ будет разработана общая рекомендация оптимальных систем гидроponики для разных условий эксплуатации.

Список литературы:

1. A Review on Hydroponics and the Technologies Associated for Medium- and Small-Scale Operations
2. Малинина Т. А., Новиков В. А., Молоканова М. «Гидропоника как альтернатива выращивания посадочного материала» // Актуальные направления научных исследований XXI века: теория и практика. 2020. №1. С. 91–94. DOI:.

РОСТОВЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ КАЛЛУСА ИЗ ИНТАКТНОГО СОЦВЕТИЯ ЧЕСНОКА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ТИПА ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ

Азопкова М.А.

*Всероссийский научно-исследовательский институт овощеводства – филиал
Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный
научный центр овощеводства» (ВНИИО – филиал ФГБНУ ФНЦО), Московская
область, 14015, E-mail: tixanish@mail.ru*

Чеснок (*Allium sativum* L.) - овощная многоцелевая культура, имеющая богатый биохимический и химический состав, размножающаяся исключительно вегетативно [1].

Для получения новых генотипов исходного материала для селекции активно используют *in vitro* технологии, среди которых перспективными являются получение соматоклональных вариантов, клеточная селекция и мутагенез *in vitro*. При этом необходимо подобрать условия для получения клеточной культуры *in vitro* с высокой скоростью роста и морфогенной активностью.

Цель работы – изучить ростовые характеристики каллусных структур из интактного соцветия чеснока, полученных на разных типах питательной среды.

Исследования проведены в секторе агrobiотехнологий ВНИИО в 2023-2024 гг.

Материал исследований – каллус, полученный из соцветий чеснока сорта Гладиатор, изолированных в возрасте 7 суток.

Экспланты для получения каллуса культивировали на агаризованной и жидкой питательной среде Мурасига - Скуга (MS) [2], содержащей 2,4-дихлорфеноксиуксусную кислоту в концентрации 2,0 мг/л, кинетин - 0,5 мг/л, pH 6,0 [3]. Продолжительность культивирования - 120 суток. Контрольными отрезками для анализа каллусной культуры были каждые 10 сутки, начиная с 30 суток культивирования.

Определяли ростовые параметры культуры:

увеличение сырой массы (М, г) – разность между массой на дату учета и массой экспланта;

прирост сырой биомассы относительно исходной массы (П, г) - отношение разности масс каллуса на дату учета и экспланта к массе экспланта;

прирост с учётом фактора времени (P_t , сут⁻¹) - отношение разности масс каллуса на дату учета и экспланта к массе экспланта, умноженное на время культивирования;

индекс скорости роста (I) – отношение массы каллуса на дату учета к массе экспланта [4].

Статистическую обработку экспериментальных данных проводили с помощью программного пакета Microsoft Excel.

По результатам проведенных исследований установлено, что максимальное увеличение сырой массы каллуса относительно массы экспланта на агаризованной питательной среде происходило на 100 сутки культивирования и составило 3,33 г. На жидкой питательной среде максимальное значение этого показателя 3,25 г отмечено на 70-80 сутки. При этом, наибольший прирост массы 0,68 г на агаризованной среде наблюдали в период с 80 по 90 сутки, на жидкой среде - на 0,92 г в период с 60 по 70 сутки

Прирост сырой биомассы каллуса относительно исходной массы экспланта на агаризованной среде происходил на 100 сутки культивирования и составил 47,6 г. На жидкой среде MS максимальное значение этого показателя 46,4 г отмечено на 70 сутки.

Максимальный прирост сырой биомассы каллуса с учётом фактора времени на агаризованной среде составил $0,506 \text{ сут}^{-1}$ на 90 сутки культивирования, на жидкой среде – $0,580 \text{ сут}^{-1}$ на 80 сутки.

Индекс скорости роста своего максимального значения достиг на агаризованной питательной среде на 100 сутки культивирования и составил 47,6. На жидкой питательной среде максимальное значение этот показатель достиг на 70 сутки и составил 47,4.

На основе полученных данных можно сделать вывод, что использование жидкой питательной среды MS, с добавлением 2,0 мг/л 2,4-дихлорфеноксиуксусной кислоты и 0,5 мг/л кинетина, позволяет получать каллус с высокими ростовыми характеристиками на 20 суток раньше по сравнению с аналогичными показателями, зафиксированными на агаризованной питательной среде того же состава.

Список литературы:

1. Середин Т.М., Агафонов А.Ф., Герасимова Л.И., Кривенков Л.В. Элементный состав чеснока озимого (*Allium sativum* L.) сортов селекции ВНИИССОК. Овощи России. 2015. № 3-4. С. 81-85. [DOI.org/10.18619/2072-9146-2015-3-4-81-85](https://doi.org/10.18619/2072-9146-2015-3-4-81-85)
2. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiol. Plant.* 1962. V.15. No 13. P.473-497.
3. Азопкова М.А. Индукция каллусогенеза соцветий чеснока (*Allium sativum* L.) *in vitro*. Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2023. Т. 53. № 2. С. 43-47. DOI: [10.26898/0370-8799-2023-2-5](https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-2-5)
4. Любаковская Л. А., Яковлева О. А., Брель Н. Г. Ростовые и биосинтетические характеристики *Syringa vulgaris* L. сорта «М. Шолохов» стеблевого происхождения в культуре *in vitro*. Вестник ВГМУ. 2007. №1. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/rostovye-i-biosinteticheskie-harakteristiki-syringa-vulgaris-l-sorta-m-sholohov-steblevogo-proishozhdeniya-v-kulture-in-vitro> (дата обращения: 08.08.2025).

БИОХИМИЯ ТЫКВЫ МУСКАТНОЙ

Биджамов Г.А., Гончаров А.В.

**ФГБОУ ВО Министерства сельского хозяйства Российской Федерации «Российский государственный университет народного хозяйства имени В.И. Вернадского»
(ФГБОУ ВО МСХ РФ РГУНХ имени В.И. Вернадского), Балашиха 143907, E-mail:
tikva2008@mail.ru**

Растения тыквы мускатной однолетние, стебель стелющийся, л., с серебристым рисунком; плод является ложной ягодой. Плоды оюили арбузным. Тыква мускатная является достаточно теплолюбивым видом тыквы среди культурных видов тыквы и для вызревания плодов сумма активных температур должна составлять 1800-2000 градусов. В России выращивается более 50 сортов и гибридов тыквы мускатной (наиболее распространенные сорта - Мускатная, Жемчужина, Прикубанская, Вита, Пингвин, Арабатская, Витаминная, Гитара, Нектарная). В настоящее время культура тыквы мускатной представляет большой интерес как продукт для переработки на сок, пюре, продукты функционального питания, для использования в селекции и интродукции [1-19].

Изучали биохимический состав, морфометрические показатели плодов и семян 38 сортообразцов тыквы мускатной различного эколого-географического происхождения отечественной и иностранной селекции в условиях Московской области в 2023-2025 гг. При проведении исследований выделены сортообразцы тыквы мускатной, отличающиеся массой плода (0,6-12 кг), формой плода - округлая, сплюснутая, грушевидная, перехватка удлиненная, перехватка укороченная; окраской плода - зеленая, коричневая, с полосками. Изученные сортообразцы тыквы мускатной отличались высоким содержанием в плодах растворимых сухих веществ (9-14 %), каротина (9-25 мг%), сахаров (7,5-12,0 %); мякоть плода варьировалась по окраске - светло-желтая, ярко-желтая, оранжевая, оранжево-красная; по консистенции - плотная сухая, плотная влажная, рассыпчатая на волокна, с насыщенным или слабонасыщенным ароматом; семенное гнездо в плодах отличалось наибольшими параметрами у сортообразцов с округлой формой; толщина мякоти колебалась от 2,3 до 5,3 см. Семена сортообразцов тыквы выделялись по окраске - светло- или темно-коричневая, по размеру - мелкие (у плодов массой 0,6-3 кг), средние, крупные (у плодов массой 4-12 кг), по форме - округлые, удлиненные, овальные с ободком или без него; содержание масла в семенах варьировалось в пределах 32,0-39,1 %.

Список литературы:

1. Биджамов Г.А., Гончаров А.В. Перспективы использования тыквы и патиссона. Научное обеспечение инновационного развития сельского хозяйства. Махачкала. 2024. 355-358.
2. Гаспарян И.Н., Левшин А.Г., Ивашова О.Н., Гончаров А.В., Денискина Н.Ф., Гаспарян Ш.В. Лучшие практики применения технологий по адаптации отрасли растениеводства к изменениям климата: монография. М.: РГАУ-МСХА. 2024. 196 с.
3. Гончаров А.В., Акимова С.В., Панова М.Б. Овощеводство, плодоводство, виноградарство: учебное пособие. Балашиха: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2020. 104 с.
4. Гончаров А.В., Шитикова А.В. Регуляторы роста растений на тыквенных культурах и картофеле в Нечерноземной зоне России: монография. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2015. 88 с.
5. Гончаров А.В., Стрелец В.Д. Овощные, лекарственные, плодовые и ароматические растения: словарь-справочник. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2016. 44 с.
6. Гончаров А.В., Закабунина Е.Н., Можаяев Е.Е., Данилов Е.В. Производство овощных и бахчевых культур в Российской Федерации в условиях изменения климата // Вопросы права, экономики и технологий. 2025. 3(11): 35-48.

7. Гончаров А.В., Мусаев Ф.Б., Тареева М.М. Сортимент кабачка, патиссона, тыквы, арбуза, дыни в Российской Федерации // *Аграрная наука*. 2020. 4: 67-71.
8. Гончаров А.В. Влияние методов механизированного возделывания на семенную продуктивность различных сортов тыквы в Нечернозёмной зоне // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. 2022. 2(94): 119-125.
9. Гончаров А.В. Сортные ресурсы тыквенных культур // *Картофель и овощи*. 2010. 8: 18-19.
10. Гончаров А.В. Производство и сортимент овощных культур в обеспечении продовольственной безопасности Российской Федерации. Луганск. 2025. 23-25.
11. Казыдуб Н.Г., Каштанова Ю.А., Фалалеева Е.В., Гончаров А.В., Гаспарян И.Н. Агроэкономическая оценка перспективных образцов тыквы в органическом земледелии в условиях южной лесостепи Западной Сибири. Тенденции развития науки и образования. 2022. № 84-1: 145-152.
12. Казыдуб Н.Г., Каштанова Ю.А., Фалалеева Е.В., Гончаров А.В. Агроэкологические аспекты тыквы в органическом земледелии в условиях южной лесостепи Западной Сибири // *Известия ФНЦО*. 2022. 2: 114-121.
13. Каштанова Ю.А., Казыдуб Н.Г., Гончаров А.В. Оценка адаптивности и качественных показателей нового сорта тыквы мускатной Омская булава (*Cucurbita moschata* Duch.) в условиях южной лесостепи Западной Сибири // *Вестник Омского государственного аграрного университета*. 2025. 1(57): 41-51.
14. Каштанова Ю.А., Казыдуб Н.Г., Гончаров А.В. Морфометрические показатели нового сорта тыквы мускатной - "Омская булава". Омск. 2024. 19-24.
15. Клопов М.И., Гончаров А.В., Максимов В.И. Гормоны, регуляторы роста и их использование в селекции и технологии выращивания сельскохозяйственных растений и животных: учебное пособие. СПб.: Лань. 2016. 374 с.
16. Мамонов Е.В., Старых Г.А., Гончаров А.В. Применение регуляторов роста растений на культурах семейства Тыквенные (*Cucurbitaceae*) // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2012. 2: 94-99.
17. Скорина В.В., Гончаров А.В., Почтовая Н.Л. Результаты государственного испытания новых сортов тыквы для Беларуси // *Известия ФНЦО*. 2022. 3-4: 32-37.
18. Goncharov A.V., Golubkina N.A., Pivovarov V.F., Gasparian I.N., Caruso G. Comparative evaluation of biochemical parameters and mineral composition of *Cucurbita ficifolia*, *C. maxima* and *C. moschata* fruit, grown in the Northern hemisphere // *Vegetable Crops of Russia*. 2022. 4: 46-54.
19. Goncharov A.V., Gasparyan Sh.V., Levshin A.G., Gasparyan A.Sh., Gasparyan I.N. Fatty acid composition of seeds of pumpkin (*Cucurbita*) varieties cultivated mechanized in the conditions of the Nonchernozem zone of the Russian Federation. 2022. С. 012083.

ИЗУЧЕНИЕ БИОХИМИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ПОЛЫНИ ГОРЬКОЙ В УСЛОВИЯХ СВЕТОКУЛЬТУРЫ

Болушева Д.А.¹, Махинова Е.Ю.²

***1, 2 - Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА
имени К. А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева), 127434, г.
Москва, ул. Тимирязевская, 49, E-mail: info@rgau-msha.ru***

Полынь горькая – многолетнее травянистое растение, издавна используемое человеком. Она применяется как в лекарственных, так и в пищевых целях. Например, в Древней Греции использовались рецепты с полынью горькой (по данным Гиппократ и Теофраста). Сейчас она используется как желчегонное и повышающее аппетит лекарственное вещество. Кроме этого, абинетол и пинен, входящие в состав полыни горькой, оказывают возбуждающее действие на центральную нервную систему, улучшая нервно-мышечную передачу. Также, флавоноиды, находящиеся в составе полыни блокируют высвобождение интерлейкина-10, подавляя экспрессию провоспалительных медиаторов, что позволяет использовать полынь горькую в составе противовоспалительных мазей, например, для лечения ревматоидного артрита. В силу использования в человеческой деятельности вторичных метаболитов полыни, важной темой для изучения является влияние спектрального состава света на их накопление. К сожалению, исследований, затрагивавших эту тему найдено не было, но можно предположить, что взаимосвязь всё же присутствует, так как существуют работы на эту тему для других лекарственных растений. Следовательно, изучение полыни горькой в рамках светокультуры является перспективным направлением исследования.

В полыни горькой содержатся такие вещества, обладающие антиоксидантными свойствами, как антраценпроизводные, аскорбиновая кислота, иридоиды, дубильные вещества, флавоноиды, кумарины и углеводы, что было доказано экспериментом, в ходе которого сравнивались несколько видов полыни и именно полынь горькая была выделена как вид, перспективный для дальнейшей работы.

Кроме этого, исследования показывают, что соцветия полыни показывают большую антибактериальную активность, чем её листья. Конечно, место выращивания так же влияет на накопление вторичных метаболитов. По результатам исследований можно сделать вывод, что накопление флавоноидов сильно зависит от удалённости от объектов, загрязняющих окружающую среду, так как эти биологически активные вещества принимают участие в реакции растения на стресс. Так, образцы полыни, собранные вблизи транспортных магистралей, содержали в 2,7-4 раза больше флавоноидов в пересчёте на рутин, чем в контрольных заповедных зонах, что свидетельствует о накоплении флавоноидов как о маркере антропогенного влияния. На накопление эфирных масел полынь горькой антропогенное воздействие также влияет отрицательно. Несмотря на это, были получены значения, отклоняющиеся от такой тенденции, что свидетельствует о воздействии иных факторов. Именно поэтому важно провести исследования, где будет

рассмотрено влияние спектрального состава света на накопление вторичных метаболитов полыни горькой.

Опираясь на все вышесказанное, полынь горькая является важным лекарственным растением с большой перспективой развития, вторичные метаболиты которого активно используются, но их накопление изучено слабо, поэтому её изучение в рамках светокультуры оправдано и необходимо.

Список литературы:

1. Дьякова Н.А., Гапонов С.П., Сливкин А.И., Бобина Е.А., Шишорина Л.А., Великанова Л.А. Изучение особенностей накопления флавоноидов травой полыни горькой, произрастающей в различных урбо- и агробиоценозах Воронежской области. Вопросы биологической, медицинской и фармацевтической химии. 2020;23(7):15–21
2. Абрамян, А.А., Кузьменко, Н.Ю. Фитофармакология травы полыни горькой//Научно-медицинский вестник Центрального Черноземья. —Научно-практический журнал, №89 —2022. —С.23-27

РЕАКЦИЯ РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ НА ГИПОКСИЮ И РЕОКСИГЕНАЦИЮ

Даулетова Р.Б.¹, Федореева Л.И.², Кононенко Н.В.².

1 - ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени К. А. Тимирязева» ул. Тимирязевская, д. 49, г. Москва, Россия, 127434, soillab@rgau-msha.ru

2 - ФГБНУ ВНИИСБ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» ул. Тимирязевская 42, Москва, Россия, 127550, iab@iab.ac.ru

Активные формы кислорода (АФК) формируются в ответ на неблагоприятные воздействия окружающей среды [2]. Избыточное накопление АФК приводит к развитию окислительного стресса. Высокая реакционная способность АФК в случае превышения предельно допустимого уровня способна разрушить практически все классы биологических молекул: белки, липиды мембраны, ДНК [1]. В рамках данного исследования в качестве абиотического фактора была выбрана гипоксия (или дефицит кислорода), возникающая при избыточном переувлажнении, затоплении или уплотнении почвы.

Целью данной работы являлось комплексное изучение влияния гипоксического стресса на генерацию и пространственную локализацию АФК в клетках корней и листьев проростков у двух разных генотипов пшеницы: *Triticum aestivum* L. (сорт Оренбургская 22) и *Triticum durum* Desf. (сорт Золотая). После снятия гипоксического воздействия, особое внимание было уделено анализу динамики восстановительного процесса — реоксигенации.

Закладка полевого опыта была проведена 14 мая 2025 года на опытном участке Федерального научного центра биологических систем и агротехнологий РАН. На 13 день после посева в фазу кущения пшеницу двух сортов подвергли гипоксическому стрессу в

течение двух суток, для этого внутри делянок предварительно помещали двухслойные плёнки для удержания воды. Отбор проб проводился согласно следующей схеме: 30 растений в трех повторностях.

Морфометрически было определено, что два сорта пшеницы по-разному реагировали на гипоксию. Если сорт Оренбургская 22 увеличивал длину корней в 1,4 раза и формировал вторичные корни, не изменяя наземную часть, то сорт Золотая при недостатке кислорода укорачивал корни в 1,1 раза. Таким образом, можно заключить, что сорт Оренбургская 22 адаптируется за счет увеличения поверхности всасывания, а сорт Золотая замедляет рост. В процессе реоксигенации при восстановлении доступа кислорода наблюдалось снижение роста корневой системы у двух сортов пшеницы. Однако пшеница сорта Золотая по сравнению с сортом Оренбургская 22 продемонстрировала значительное увеличение высоты надземной части растения при восстановлении после гипоксии.

В клетках растений основным продуцентом АФК являются хлоропласты. Это обусловлено тем, что наибольший вклад в их образование вносит функционирование цепей переноса электронов [3]. Поскольку избыток АФК отрицательно сказывается на процессе фотосинтеза в работе был проведен анализ содержания хлорофилла а и b в надземной части пшеницы. В контрольных образцах пшеницы Оренбургская 22 содержание Chl a выше в 1,2 раз, чем в сорте Золотая. Однако, более высокое содержание Chl b (в 2,5 раз) в сорте Золотая по сравнению с сортом Оренбургская 22 компенсировало недостаток Chl a. Воздействие гипоксии приводило к увеличению содержания Chl a как в сорте Оренбургская 22, так и в сорте Золотая (1,3 и 1,1, соответственно). Также было отмечено резкое уменьшение содержания Chl b в сорте Золотая, что могло быть связано с перераспределением хлорофилла а и b между собой. Процесс восстановления после дефицита O₂ в двух сортах пшеницы протекал по разным механизмам: если содержание Chl a в сорте Золотая в первый день значительно увеличивалось (1,6 раз), а далее начинало уменьшаться, то в сорте Оренбургская 22 содержание Chl a в первый день после гипоксии резко уменьшалось (в 2,1 раз), но затем резко увеличивалось и на 3 день реоксигенации достигало 22,6 мкг/г сырой массы, что в 1,5 выше, чем в контроле. Содержание Chl b также значительно увеличивается (в 1,8 раз) по сравнению с контролем. Из полученных данных можно сделать предположение, что у сорта Оренбургская 22 восстановительный процесс в надземной части после гипоксии протекает более длительно, чем у сорта Золотая.

С помощью методов световой и флуоресцентной микроскопии было обнаружено, что корни проростков двух сортов пшеницы, окрашенные маркером АФК — Carboxy-H2DFFDA, накапливали различное количество АФК. В опыте с гипоксией у сорта Оренбургская 22 продукция АФК увеличилась в 2 раза по сравнению с сортом Золотая. Причем, наиболее интенсивное окрашивание АФК у сорта Золотая наблюдалось в области корневого чехлика и зоны меристемы, а у сорта Оренбургская 22 — в зонах чехлика, меристемы и элонгации. На основе полученных данных можно заключить, что более устойчивым к действию гипоксии оказался сорт Золотая.

По данным цитофотометрического анализа реакция на гипоксию у разных сортов пшеницы сопровождалась увеличением количества клеток в фазе синтеза, причем, у сорта Оренбургская 22 образовался блок. Последующая за гипоксией реоксигенация приводила к снижению клеток у сорта Оренбургская 22 в синтетической фазе и увеличению — в постсинтетической фазе, что свидетельствует о более низкой восстановительной

способности сорта по сравнению с сортом Золотая. Процесс реоксигенации у сорта Золотая происходил более активно и уже восстанавливался ко 2-м суткам. Таким образом, сорт Оренбургская 22 хуже, чем сорт Золотая переносил гипоксию и процесс реоксигенации.

Список литературы

1. Kononenko, N.V. Mechanisms of Antioxidant Resistance in Different Wheat Genotypes under Salt Stress and Hypoxia / N.V. Kononenko, E.M. Lazareva, L. I. Fedoreyeva // Int. J. Mol. Sci. 2023, 24, 16878. DOI: 10.3390/ijms242316878
2. Quan LJ. Hydrogen peroxide in plants: a versatile molecule of the reactive oxygen species network / Li-Juan Quan, Bo Zhang, Wei-Wei Shi, Hong-Yu Li // Journal of Integrative Plant Biology. 2010;50(1):2–18. doi: 10.1111/j.1744 7909.2007.00599. x.
3. Методы оценки антиоксидантного статуса растений: [учеб. -метод. пособие] / Г. Г. Борисова и др.; отв. ред. Н. В. Чукина. - Екатеринбург: Изд-во Урал. ун -та, 2012. - 72 с. ISBN 978-5-7996-0738-8

УСКОРЕННОЕ ПОЛУЧЕНИЕ НОВЫХ ПОКОЛЕНИЙ РАСТЕНИЙ *BETA VULGARIS* L.

Донских Е.И., Колесникова Е.О., Пономарева С.В., Бердников Р.В.
Селекционно-генетический центр ООО «СоюзСемСвекла» (ООО «ССС»),
Воронежская область, м.р-н Рамонский, с. п. Айдаровское,
п. ВНИИСС, зд. 81, E-mail: kolesnikovaeo@souzsemsvekla.ru

Контролируемое выращивание растений в условиях искусственного освещения и микроклимата направлено на ускорение селекционного процесса за счет сокращения периода вегетации. Данный подход имеет большой потенциал при совместном применении с методами культуры тканей, маркер-ориентированной, геномной селекции, высокопроизводительного фенотипирования [1]. Разработанные протоколы по ускоренному выращиванию таких культур, как пшеница, ячмень, нут, горох, рапс открыли перспективу применения данного метода для других сельскохозяйственных растений [2, 3]. Сахарная свёкла (*Beta vulgaris* L.), является двулетней корнеплодной культурой, поэтому для нее данная технология особенно актуальна. В природных условиях получение одного поколения растений занимает до двух лет, что значительно ограничивает возможности селекционеров. Технологии ускоренной селекции сахарной свёклы находятся в стадии разработки. Исследования направлены на повышение эффективности условий культивирования для сокращения сроков созревания растений, выявление, контроль и оптимизацию работы генов, ответственных за цветение [4].

Цель исследования: разработать и адаптировать технологии ускоренного выращивания сахарной свёклы для получения корнеплодов и их дальнейшей высадки на семеноводческих участках, проведения скрещиваний и получения семян в целях создания высокопродуктивных гибридов.

Материалы и методы: для проведения опыта в условия закрытого грунта были посеяны семена и высажены укорененные микроклоны линий сахарной свеклы. Растения

принадлежали различным генотипам и селекционным формам: мужскостерильные (МС), отцовские формы (От) и опылители (ОП).

Основу исследований составляла оптимизация факторов среды, обеспечивающих ускоренный рост и развитие растений. Работы выполнялись в помещении с контролируемыми абиотическими условиями (фитотрон). Растения выращивали в индивидуальных горшках с торфяным субстратом (торф, перлит 3:1). Длина светового дня составила 16 ч день/ 8 ч ночь, температура воздуха 22°C день / 20 °C ночь. Максимальное приближение спектра освещения к естественному солнечному достигалось с помощью светодиодных светильников. Полив растений осуществлялся по мере подсыхания грунта. Ежеженедельно выполняли подкормку растений комплексными удобрениями и дополнительный уход в течение вегетации.

Результаты и выводы: в ходе исследований срок получения корнеплодов сахарной свеклы из семян и микроклонов составил 3–4 месяца. Из 200 высаженных экплантов было получено 196 корнеплодов, что составило 98 %. Масса корнеплодов составила 30 –50 г. Зеленые части растений обладали интенсивной окраской, без признаков дефицитов питательных веществ, наличия заболеваний и насекомых. Выявлено, что не все растения одинаково положительно реагировали на ускоренные условия выращивания. Отдельные генотипы развивались с отставанием и образовали корнеплоды массой до 10 г, что в 3-5 раз меньше массы корнеплодов отзывчивых форм.

Исследования показали возможность массового получения корнеплодов растениями сахарной свеклы в фитотроне. Поскольку не все линии активно развивались в искусственных условиях, данная технология требует доработки. Следующим этапом исследований является проведение опытов по культивированию растений сахарной свеклы различных генотипов, получению генеративных побегов и семян в модельных условиях. В сочетании с методами маркер-ориентированной и геномной селекции технология ускоренного выращивания может позволить быстрее фиксировать ценные признаки для получения новых перспективных линий и гибридов. В будущем данная технология позволит сократить время получения новых поколений сахарной свеклы, что позволит ускорить селекционный процесс.

Список литературы:

1. Watson A, Ghosh S, Williams MJ, et al. Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nat Plants*. 2018;4(1):23-29. DOI: [10.1038/s41477-017-0083-8](https://doi.org/10.1038/s41477-017-0083-8)
2. Zheng, Z., Wang, H.B., Chen, G.D. et al. A procedure allowing up to eight generations of wheat and nine generations of barley per annum. *Euphytica* 191, 311–316 (2013). <https://doi.org/10.1007/s10681-013-0909-z>
3. Cha J.-K., O'Connor K., Alahmad S., et al. Speed vernalization to accelerate generation advance in winter cereal crops. *Mol Plant*. 2022;15(8):1300-1309. DOI: 10.1016/j.molp.2022.06.012

4. Y. Kuroda, T. Kuranouchi, K. Okazaki, H. Takahashi. Biennial sugar beets capable of flowering without vernalization treatment. Genetic Resources and Crop Evolution. 2023. 71(2):1-12. DOI:[10.1007/s10722-023-01662-0](https://doi.org/10.1007/s10722-023-01662-0)

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ АНТИМИТОТИЧЕСКИХ ВЕЩЕСТВ НА УДВОЕНИЕ ГЕНОМА САХАРНОЙ СВЕКЛЫ (*BETA VULGARIS* L.)

Габорак А.А.^{1,2}, Фомичева М. Г.², Заячковская Т. В.², Домблидес Е. А.²

1 - Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени К. А. Тимирязева»

2 - Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр овощеводства» (ФГБНУ ФНЦО), 143080, Московская область, Одинцовский городской округ, п. ВНИИССОК, ул. Селекционная, д. 14, info@vniissok.com

Повышение продуктивности сахарной свеклы — одной из ключевых технических культур — напрямую связано с успехами в селекции. Технология удвоенных гаплоидов (DH) позволяет получать полностью гомозиготные родительские линии всего за одно поколение, что значительно ускоряет селекционный процесс. Однако применение этого подхода для сахарной свеклы сопряжено с рядом биотехнологических сложностей, в частности, с трудностями удвоения генома гаплоидных регенерантов. Данная работа посвящена изучению спонтанной диплоидизации генома гаплоидных растений, а также разработке методики искусственного удвоения генома с помощью антимитотических агентов.

В данном исследовании использовались гаплоиды сахарной свеклы, полученные с помощью гиногенеза в культуре неопылённых семяпочек из гибрида 'Корсар'. Соцветия подвергали холодовой обработке при 5-6°C в течение 2-8 дней, после чего изолированные неопылённые семяпочки культивировали на среде IMB на основе MS и B5 с добавлением ТДЗ (0,4-0,8 мг/л). Для регенерации гаплоидных эмбриоидов в полноценные растения эмбриоидные и каллусные структуры переносили на среду MS с БАП (1 мг/л) и ГКЗ (0,1 мг/л). Укоренение полноценных растений проводили на безгормональной среде (Zayachkovskaya Т., 2023).

Поскольку спонтанное удвоение генома у сахарной свеклы происходит с низкой и нестабильной частотой, для получения диплоидных линий необходимо применение антимитотических агентов (Fomicheva М., 2024). Было проведено сравнение контроля (оценка спонтанного удвоения) и обработок двумя агентами: традиционным, но высокотоксичным колхицином (0,5 г/л, 5 суток) и менее токсичным гербицидом трифлуралином (0,1 г/л 2 и 5 суток). Инкубацию с антимитотическими веществами проводили на этапе регенерированных растений *in vitro*. После этого растения-регенеранты проходили этап адаптации к условиям *ex vitro*, включающим в себя высадку в субстрат торф:перлит (7:3) и постепенное снижение влажности в течение 14 дней.

Для точного и высокопроизводительного анализа плоидности полученных растений использовали метод проточной цитометрии. Выделение ядер из молодых листьев проводили в буфере Гэлбрейта с последующим окрашиванием иодидом пропидия и анализом на проточном цитометре с использованием внешнего диплоидного контроля свеклы, что позволяло достоверно идентифицировать растения различной плоидности. При обработке 0.1 г/л трифлуралином в течение 2 дней плоидность регенерантов была: n (8%), $n+2n$ (46%), $2n+4n$ (31%), $n+2n+4n$ (15%). Плоидность растений при обработках 0.5 г/л колхицином и 0.1 г/л трифлуралином в течение 5 дней показали схожие результаты: n (17%), $n+2n$ (41% и 45%), $2n+4n$ (25% и 10%), $n+2n+4n$ (17% и 24%), соответственно. Миксоплоидные растения ($2n+4n$ и $n+2n+4n$) имели увеличенную площадь листа, более низкое общее число листьев, а также увеличенное по сравнению с гаплоидными растениями количество хлоропластов в замыкающих клетках устьиц. Планируется проведение яровизации полученных растений с последующей оценкой морфологии цветов, качества пыльцы и семенной продуктивности.

Создание эффективного протокола удвоения генома гаплоидных растений свеклы является важным завершающим звеном в технологии удвоенных гаплоидов, позволяющим в сжатые сроки получать чистые линии для последующего скрещивания. Это открывает путь к ускоренному созданию высокопродуктивных гибридов сахарной свеклы, что в конечном итоге способствует повышению рентабельности и конкурентоспособности производства этой культуры.

Список литературы:

1. Fomicheva M., Kulakov Y., Alyokhina K., Domblides E. Spontaneous and chemically induced genome doubling and polyploidization in vegetable crops // *Horticulturae*. – 2024. – Vol. 10, № 6. – P. 551.
2. Zayachkovskaya T., Alyokhina K., Mineykina A. и др. Optimizing different medium component concentration and temperature stress pretreatment for gynogenesis induction in unpollinated ovule culture of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) // *Horticulturae*. – 2023. – Vol. 9, № 8. – P. 900.

6

АЗОТФИКСИРУЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ РИЗОСФЕРЫ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР ПРИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ СЕМЯН В УСЛОВИЯХ ОМСКОЙ ОБЛАСТИ

Киселёва А.А., Шулико Н.Н.

ФГБНУ «Омский аграрный научный центр», Омск 644114;

e-mail: alina.veinbender@mail.ru

*исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-10064,
<https://rscf.ru/project/23-76-10064/>.

Сельскохозяйственные культуры получают недостаточно азота из резерва почв, созданного и поддерживаемого деятельностью микроорганизмов-дiazотрофов. Ассоциативная азотфиксация проходит в ризосфере различных семейств сельскохозяйственных растений во всех типах почв, но с различной скоростью [1].

Важным фактором, определяющим эффективность ассоциативной азотфиксации, является применение биологических препаратов, созданных на основе активных штаммов микроорганизмов, обладающих повышенной способностью к ассоциации с культурными растениями и интенсивной азотфиксацией.

Исследовано влияние агроприема на активность азотфиксации при инокуляции семян биопрепаратами Мизорин и Флавобактерин. Полевой опыт заложен на полях Омского аграрного научного центра в Тарском филиале в подтаежной зоне. Опытный участок представлен серой лесной оподзоленной среднесиловой суглинистой почвой. Мощность пахотного горизонта 18-20 см с содержанием гумуса 2,5-3,0%.

Вегетационный период 2023 года в целом был благоприятным для роста и развития зерновых культур, осадков выпало 115% от среднесиловых данных. Среднесуточная температура воздуха за период май – сентябрь составила 15,5°C, что на 1,6°C выше нормы, ГТК 1,34.

Для инокуляции семян использовали препараты комплексного действия, изготовленные во Всероссийском НИИ сельскохозяйственной микробиологии (ФГБНУ ВНИИСХМ, г. Санкт-Петербург, Пушкин) Мизорин (*Arthrobacter mysoarens*), Флавобактерин (*Flavobacterium*). Инокуляцию семян проводили в день посева из расчета 600 г на гектарную норму семян. Исследована ризосфера пшеницы - сорт Тарская 12, Омская 44, Омский коралл.

Азотфиксирующую активность ризосферы определяли при помощи ацетиленового метода по восстановлению ацетилена в этилен методом газовой хроматографии на хроматографе системы Кристалл - 5000 [2].

В ризосфере зерновых культур на серой лесной почве наблюдается неоднозначное воздействие предпосевной инокуляции семян на активность процесса.

В прикорневом слое сортов Тарская 12 и Омская 44 выявлено исключительно стимулирующее воздействие агроприема на активность ассоциативной азотфиксации в ризосфере. Положительное влияние оказали бактерии рода *Flavobacterium sp.*, максимальные размеры фиксированного азота составили до 178,7 и 208 нМ C₂H₄ / 100 г почвы при уровне на контроле 101,7 и 141,3 нМ C₂H₄ / 100 г соответственно. Применение Мизорина повышало активность азотфиксации в течение вегетации на 43-64% (сорт Тарская 12) и 25-77% (сорт Омская 44).

Положительное влияние бактерий *Arthrobacter mysoarens* и *Flavobacterium sp.* на активность ассоциативной азотфиксации в ризосфере мягкой пшеницы подтверждено колонизацией ими корневой системы. Обнаружение азотфиксирующей активности в ризосфере зерновых культур при инокуляции фиксирующими атмосферный азот бактериями подтверждает, что происходит образование ассоциаций внесенных бактерий с

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

аборигенными диазотрофными бактериями, также обладающими способностью к фиксации азота воздуха [3]. Усиление азотфиксирующей активности в ризосфере при внесении бактерий *Arthrobacter mysorens* и *Flavobacterium sp.* может быть связано с увеличением доступности в почве химических элементов, участвующих в микробиологической фиксации молекулярного азота [4].

В ризосфере твёрдой пшеницы сорта Омский коралл выявлено снижение активности азотфиксации в фазы кущение и колошение, на 38 и 10% соответственно. Известно, что эффективность применяемых препаратов во многом определяется взаимодействием с коренными обитателями почвы. При инокуляции в почву попадают микроорганизмы, способные оказывать определённое воздействие (в том числе и негативное) на аборигенную микробиоту и вмешиваться в ход микробных сукцессий с нарушением определённого равновесного сообщества [5].

Таким образом, внесённые бактерии колонизировали корневую систему растений и усиливали азотфиксирующую активность в ризосфере зерновых культур. В условиях подтаежной зоны размеры ассоциативной азотфиксации увеличивались при бактеризации семян Флавобактерином достигая максимальных значений в ризосфере сорта Тарская 12.

Список литературы:

1. Завалин, А. А. Ассоциативная азотфиксация и практика применения биопрепаратов в посевах сельскохозяйственных культур / А. А. Завалин, А. А. Алферов, Л. С. Чернова // Агрохимия. – 2019. – № 8. – С. 83-96. – DOI 10.1134/S0002188119080143. – EDN ELJHRH.
2. Умаров М.М. Ацетиленовый метод изучения азотфиксации в почвенно - микробиологических исследованиях // Почвоведение. 1976. № 1. С. 119–123.
3. Умаров М.М. Ассоциативная азотфиксация. М.: Изд-во МГУ, 1986. 136 с.
4. Халикова Л.В., Кавеленова Л.М. Почвенный микробоценоз в агросреде как динамичная система: первичные результаты оценки изменений // Самарский научный вестник. 2023. Т. 12. № 2. С. 91–97. <https://doi.org/10.55355/snv2023122114>
5. Кожевин П.А. «Здоровье» почвы как проблема биотехнологии // Биотехнология: состояние и перспективы развития: матер. конгресса. Ч. 2. М.: 2007. С. 114.

ИЗМЕНЕНИЕ МИКРОБНОГО ЦЕНОЗА РИЗОСФЕРЫ ЗЕРНОФУРАЖНЫХ КУЛЬТУР ПРИ ПРИМЕНЕНИИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ СЕМЯН В УСЛОВИЯХ ОМСКОЙ ОБЛАСТИ

Шулико Н.Н.

ФГБНУ «Омский аграрный научный центр», Омск 644114;

e-mail: alina.veinbender@mail.ru

*исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-10064, <https://rscf.ru/project/23-76-10064/>.

В последние десятилетия одним из основных путей решения задачи по повышению урожайности зерновых во многих странах мира является использование микробиологических средств, обеспечивающих стимуляцию роста и развития растений, защиту от вредных организмов, утилизацию пожнивных остатков и т.п. Использование биопрепаратов при возделывании зерновых культур немного уступает по эффективности химическим фунгицидам, однако биофунгициды могут быть дешевле химических препаратов в 2–2,5 раза [1, 2].

В полевом опыте в южной лесостепной зоне Омской области было исследовано влияние биопрепаратов Мизорин (*Arthrobacter mysorens* 7) и Флавобактерин (*Flavobacterium* sp. L-30.) (производство ВНИИСХМ, г. Санкт-Петербург, Пушкин) на микробный ценоз ризосферы новых сортов сельскохозяйственных культур омской селекции ячменя – сорт Омский 101, овса – сорт Сибирский Геркулес.

Инокуляцию семян проводили в день посев. Площадь одной делянки – 13,5 м² (15*0,9), предшественник – пар. Повторность вариантов 4-х кратная. Площадь под опытом – 942 м².

Мизорин (*Arthrobacter mysorens* 7) – бактериальный препарат для повышения урожайности и улучшения качества продукции. Норма внесения 0,3 кг (л)/гект. норму семян (1,5 кг на 1 т семян).

Флавобактерин (*Flavobacterium* sp. L-30) – биопестицид, препарат азотфиксирующих бактерий фунгицидно-стимулирующего действия, рекомендуется для предпосевной обработки семенного материала зерновых культур. Норма внесения 0,3 кг (л)/гект. норму семян (1,5 кг на 1 т семян).

Предшественник – чистый пар. Посев культур выполнен сеялкой ССФК-7,0 в оптимальные сроки с проведением комплекса весенне-полевых работ рекомендованной нормой высева.

Схема опыта предполагала изучение следующих вариантов: агрокультура (фактор А); бактериальный препарат для инокуляции семян (фактор В) – без препарата, Мизорин, Флавобактерин.

Учет численности микроорганизмов проводили на твердых питательных средах [3].

Наблюдения за изменением численности олигонитрофильной и фосфатмобилизующей группы при применении бактериализации семян показало снижение в удобренных вариантах опыта, олигонитрофилов до 36% (овес), фосфатмобилизующих до 50% (ячмень). В ризосфере овса, снижалась также численность олигонитрофилов на 18% в варианте Мизорин, на 36% в варианте Флавобактерин. Это может быть связано с тем, что при интродукции в почву попадают микроорганизмы, способные оказывать определенное воздействие, в том числе и отрицательное, на аборигенную микробиоту [4]. Тенденцию роста олигонитрофильных бактерий в варианте Мизорин наблюдали на ячмене, до 14% к контролю (табл.).

В целом за период вегетации, общая (условно) численность ризосферной микробиоты ячменя и овса при применении предпосевной бактериализации семян имела тенденцию к снижению (до 16%), за счет уменьшения количества наибольшее многочисленных групп - олигонитрофильной и фосфатмобилизующей. Однако, стоит отметить, что данная тенденция была в пределах ошибки опыта.

Таким образом, в ризосфере зернофуражных культур прослеживалась тенденция снижения от изучаемого агроприема наиболее многочисленных групп олигонитрофильных и фосфатмобилизующих бактерий, и, как следствие, общая (условно) численность ризосферной микробиоты ячменя и овса при применении предпосевной бактериализации семян снижалась до 16% к контролю. Однако снижение в пределах ошибки определения (20%), в этой связи можно констатировать, что экологическая ситуация в почве спокойная.

Список литературы:

Эффективность защиты яровой пшеницы биопрепаратами и фунгицидами в лесостепи Приобья: П. Особенности действия в условиях недостатка влаги / Власенко Н.Г., Павлюшин В.А., Теплякова О.И., Кулагин О.В., Морозов Д.О. // Вестник защиты растений. 2022. Т. 105, № 4. С. 181–192. <https://doi.org/10.31993/2308-6459-2022-105-4-15357>

Биологическая активность почвы ризосферы овса посевного (*Hordeum vulgare* L.) при инокуляции семян ассоциативными диазотрофами / А. А. Божко, Н. А. Поползухина, О. Ф. Хамова [и др.] // Проблемы агрохимии и экологии. – 2019. – № 2. – С. 60-64. – DOI 10.26178/AE.2019.15.54.010.

Теппер Е.З., Шильникова В.К. Практикум по микробиологии учебное пособие для вузов / под ред. В. К. Шильниковой. Москва: Дрофа, 2004. 256 с.

Анализ состояния почвенного микробного сообщества при длительной антропогенной нагрузке / Н.Р. Эмер, Н.В. Костина, А.И. Нетрусов, И.С. Жебрак, П.А. Кожевин // Вестник Московского университета. Серия 17. Почвоведение. 2019. № 4. С. 56–62.

ВЛИЯНИЕ ПОЧВЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ В СОВМЕСТНОМ ПРИМЕНЕНИИ С КОЛХИЦИНОСОМ НА РОСТ И УРОЖАЙНОСТЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР

Гайниев Д.И.¹, Гришина О.М.²

**1 - ФГБОУ ВО "Российский Государственный Геологоразведочный
Университет имени Серго Орджоникидзе" (ФГБОУ ВО РГГРУ), Москва 11799; E-
mail: economist3dbum@yandex.ru**

2 - ГБОУ Школа 1302, Москва 123181; E-mail: olga_grishina9669@mail.ru

Современное сельское хозяйство нуждается в технологиях, сочетающих повышение урожайности с экологической безопасностью. Использование почвенной микробиоты как

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

естественного регулятора роста и защиты растений представляет одно из перспективных направлений биологизации земледелия. Микроорганизмы улучшают питание растений, повышают фотосинтетическую активность и устойчивость к стрессам.

В то же время метод химического мутагенеза с применением колхицина остаётся важным инструментом в селекции. Колхицин индуцирует полиплоидию, способствуя формированию растений с более крупными органами, высокой биомассой и улучшенными агрономическими показателями. Однако чрезмерные дозы колхицина вызывают оксидативный стресс, угнетение митоза и нарушение метаболизма [5].

Современные исследования указывают, что применение активных почвенных микроорганизмов может компенсировать стресс, вызванный действием мутагенов, активируя антиоксидантные механизмы растения [6]. Таким образом, актуальной является оценка совместного влияния микробных консорциумов и колхицина на развитие сельскохозяйственных культур.

Цель работы - изучить влияние почвенных микроорганизмов в сочетании с колхицином на рост, физиологическую устойчивость и продуктивности гороха посевного (*Pisum sativum* L.).

Задачи включали: (1) анализ современных представлений о действии микробных консорциумов и колхицина; (2) проведение экспериментального исследования с четырьмя вариантами обработки; (3) определение синергетического эффекта совместного применения биологических и химических факторов.

В ряде исследований [1; 2; 3] отмечается, что почвенные микроорганизмы повышают доступность элементов питания, усиливают фотосинтетическую активность и стимулируют антиоксидантные механизмы растений. Авторы подчёркивают роль микробных консорциумов в снижении уровня стрессовых реакций и поддержании нормального метаболизма культур.

Отдельно стоит выделить работу Н.А. Егоровой [1], в которой подробно описано действие колхицина как индуктора полиплоидии и показаны его возможные негативные эффекты, включая угнетение митоза и развитие оксидативного стресса при высоких дозировках.

В исследованиях Кузнецовой А.В., Чернова И.Ю. [3; 4] подчёркивается, что введение активных микробных комплексов смягчает токсичность химических стимуляторов, ускоряет репарацию ДНК и нормализует редокс-процессы в клетках, что способствует лучшей адаптации растений.

Работы зарубежных авторов [5; 6], также подтверждают возможность биологической компенсации мутагенного стресса: микробиота усиливает активность каталазы, пероксидазы и других защитных ферментов, повышая устойчивость растений к действию колхицина и другим мутагенным факторам.

Однако подчёркивается, что отечественных исследований, рассматривающих совместное применение микробных препаратов и колхицина на одной модели культуры, практически нет, что определяет научную новизну и актуальность данной работы.

Колхицин - алкалоид, блокирующий образование микротрубочек веретена деления, что вызывает удвоение хромосомного набора и образование полиплоидных клеток. Полиплоидные формы характеризуются усиленным метаболизмом, повышенной массой семян, плодов и цветов, а также устойчивостью к абиотическим стрессам, в сравнении с диплоидными родителями [1].

Таким образом, синергетическое использование колхициноса и микробных препаратов представляет перспективное направление биотехнологии, позволяющее объединить преимущества мутагенеза и биостимуляции при минимизации фитотоксического действия.

Материалы и методы

Объект исследования: горох посевной (*Pisum sativum L.*).

Предмет исследования: влияние колхицина и активной почвенной микробиоты на всхожесть, рост, физиологические показатели и конечную продуктивность гороха.

Опыт был проведён в четырёх вариантах:

1. контроль без обработок;
2. обработка раствором колхицина (0,1%);
3. обработка чайным компостом водным настоем органического компоста, содержащим активную микрофлору (*Bacillus subtilis*, *Azotobacter chroococcum*, актиномицеты, микоризные грибы);
4. комбинированная обработка: колхицин (0,1 %) + чайный компост.

В ходе исследования оценивались следующие показатели:

- всхожесть (%) и энергия прорастания (%);
- морфометрические параметры: высота побега и корня (см);
- прирост биомассы: сырая и сухая масса (г);
- содержание хлорофилла (SPAD-единицы или мг/г);
- активность ферментов антиоксидантной системы: CAT, POD, SOD (ед./мг белка/мин);
- продуктивность растений масса сформированных семян и доля выживших растений (%).

Биохимические показатели определялись методом спектрофотометрии.

Статистическая обработка осуществлялась с использованием однофакторного дисперсионного анализа ANOVA при уровне значимости $p < 0,05$.

Опыт проводился в одинаковых условиях влажности, освещения и температуры (22-24°C), растения выращивались в универсальном почвенном субстрате в сосудах объёмом 0,5 л.

Результаты и обсуждение

Полученные данные показали выраженные различия между вариантами опыта. Обработка чайным компостом обеспечила наиболее высокий старт развития: энергия прорастания была выше контроля примерно на 20%, а всхожесть на 10-12%. Средняя высота побегов на ранних стадиях превышала контроль на 12-15%, а сырая биомасса растений на 18%.

Содержание хлорофилла также увеличивалось примерно на 20–25 % относительно контрольного варианта. При этом итоговая продуктивность растений этого варианта оставалась умеренной и составляла около 30% от максимальной возможной, что свидетельствует о хорошей ранней динамике роста, но ограниченном потенциале формирования генеративных органов.

Обработка колхицином, напротив, сопровождалась снижением энергии прорастания на 10–15 %, а высота побегов в начале развития была на 15–20 % ниже, чем в контроле. Биомасса на ранних этапах снижалась в среднем на 15%, что подтверждает угнетающее действие колхицина в начальные сроки. Однако на поздних стадиях растения демонстрировали наиболее высокий продуктивный отклик: масса сформированных семян была примерно в 2 раза выше, чем в контроле, а отдельные параметры биомассы превышали контрольные значения на 70–90%. Эти данные отражают типичную для полиплоидных форм тенденцию к увеличению размеров органов и усилению метаболизма.

Максимальный положительный эффект был отмечен при комбинированном применении колхицина и чайного компоста. Растения этого варианта сохраняли темпы роста, сопоставимые с контролем (разница в высоте побегов не превышала 5%), но демонстрировали значительно более высокую устойчивость. Содержание хлорофилла превышало контроль на 25–30%, а активность ферментов CAT, POD и SOD была выше на 20–35%, что указывает на усиление антиоксидантной защиты. Выживаемость растений превышала 85%, что значительно выше показателей варианта с чистым колхицином. Продуктивность растений в этом варианте была самой высокой в 2–2,3 раза выше контроля, что делает его наиболее эффективным по совокупности параметров.

Результаты опыта показывают, что микробные сообщества способны существенно снижать стрессовое действие колхицина и обеспечивать синергетический эффект: нормальные темпы роста сочетаются с максимальной продуктивностью. Комбинированная обработка демонстрирует устойчивый физиологический ответ, повышенную антиоксидантную активность и наилучшие показатели биомассы, и продуктивности.

Выводы

Проведённое исследование показало, что почвенные микроорганизмы и колхицин влияют на растения по-разному, но в ряде случаев их действие взаимно усиливается. Чайный компост ускорял ранние этапы роста гороха — повышал энергию прорастания, улучшал формирование биомассы и увеличивал содержание хлорофилла, однако обеспечивал лишь среднюю продуктивность. Колхицин, напротив, замедлял начальное развитие, но формировал более продуктивные растения на поздних стадиях: продуктивность была примерно в два раза выше контрольных значений, что отражает типичные для полиплоидных форм усиленные метаболические процессы и увеличение размеров органов.

Наиболее значимый положительный эффект был выявлен при сочетании колхицина и чайного компоста. Растения сохраняли нормальные темпы роста, демонстрировали повышенную устойчивость и имели максимальные значения биомассы и продуктивности в 2–2,3 раза выше контроля. Это указывает на выраженный синергетический эффект: микробиота снижала стресс, вызванный колхицином, стабилизировала обмен веществ и

усиливала защитные системы растения. Таким образом, комбинированное применение микробных препаратов и колхицина может быть перспективным направлением биотехнологии, позволяющим одновременно стимулировать продуктивность и поддерживать физиологическую устойчивость культур.

Список литературы:

1. Егорова Н.А. Влияние колхицина на каллусогенез и регенерацию растений эфиромасличной герани // Труды Никитского ботанического сада, 200, Том 12- 2007- С. 249-254- URL.: <https://cyberleninka.ru/article/n/vliyanie-kolhitsina-na-kallusogenez-i-regeneratsiyu-rasteniy-efiromaslichnoy-gerani-in-vitro/viewer> (дата обращения 16.10.2025)
2. Никитина О. В. Микроорганизмы почв и их влияние на урожайность сельскохозяйственных культур // Агрохимия и экология. – 2021. – № 4. – С. 55–62. – URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/mikroorganizmy-pochv-i-ih-vliyanie-na-urozhaynost-selskohozyaystvennyh-kultur> (дата обращения: 16.10.2025).
3. Чернов И. Ю., Кузнецова А. В. Регулирование микробных сообществ и применение микробных препаратов в агрономии // Почвоведение. – 2021. – № 12. – С. 1506–1522. – URL: <https://sciencejournals.ru/view-article/?a=Pochved2112002Chernov&j=pochved&n=12&v=0&y=2021> (дата обращения: 16.10.2025).
4. Bulletin of Eurasian Soil Science Society. – 2023. – URL: <https://bulletin.esoil.ru/jour/article/view/259> (дата обращения: 16.10.2025).
5. Microbial biofertilizers and growth stimulants in sustainable agriculture // MDPI Agronomy. – 2024. – Vol. 14, No. 4 (669). – URL: <https://www.mdpi.com/2073-4395/14/4/669> (дата обращения: 16.10.2025).
6. Plant–microbiome interactions under mutagenic stress conditions // PubMed Central. – 2024. – PMC 10999704. – URL: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10999704/> (дата обращения: 16.10.2025).

СОРТОВИДОВАЯ РЕАКЦИЯ НИГЕЛЛЫ (NIGELLA L.) НА ИНОКУЛЯЦИЮ МИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТОМ

**Голубев А.Л., Чайковская Л.А., Еговцева А.Ю., Смирнова И.И.,
Гритчин М.В., Каменев А.О.**

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки

**«Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма» (ФГБУН
«НИИСХ Крыма»), г. Симферополь, 295043, E-mail:alexand-golubev98@mail.ru**

Введение микробных препаратов в современные технологии выращивания сельскохозяйственных культур является одним из экологически безопасных и ресурсосберегающих элементов функционирования и устойчивого развития агроэкосистем [1]. Принцип действия удобрительных микробных препаратов основан на естественных явлениях азотфиксации и фосфатмобилизации, существующих в природе и характерных для эпифитных и почвенных микроорганизмов [2, 3]. Особая роль принадлежит комплексным полифункциональным микробным препаратам, созданным на основе симбиотических, ассоциативных азотфиксирующих и фосфатмобилизующих бактерий [4, 5]. В последнее время повысился интерес к использованию и возделыванию новых лекарственных, эфиромасличных и пряно-ароматических растений, одним из которых является нигелла (*Nigella L.*) [6]. В ФГБУН «НИИСХ Крыма» созданы два сорта нигеллы: Ялита (2017) и Крымчанка (2019). Однако до настоящего времени недостаточно изучены вопросы повышения эффективности производства продукции нигеллы за счет применения микробных препаратов. Учитывая вышесказанное, **цель наших исследований** заключалась в изучении влияния комплексного микробного препарата [5] на содержание фотосинтезирующих пигментов в листьях нигеллы, её морфометрические показатели и продуктивность в условиях полевого опыта.

Полевые эксперименты проведены на опытном участке ФГБУН «НИИСХ Крыма» (Симферопольский р-н), площадь делянок 5м², повторность 3-кратная. Почва участка чернозем южный карбонатный среднесуглинистый, агрохимическая характеристика: 6,3 мг/100 г минерального азота, 18,4 мг/100г Р₂О₅, 73,0 мг/100г К₂О, содержание гумуса 5%; рН почвенного раствора 7,8; В опыте использованы два вида нигеллы – *N. damascena* (Ялита) и *N. sativa* (Крымчанка). Для предпосевной инокуляции семян и обработки растений по вегетации применяли комплексный микробный препарат [5] на основе *Rhizobium radiobacter* 204, *Lelliottia nimipressuralis* ССМ 32-3, *Paenibacillus polymyxa* П (разведение 1:100). Полевые опыты проведены по общепринятым методам (Доспехов Б.А.), в опытных вариантах (**И** – инокуляция семян, **И+** – сочетание инокуляции семян с обработкой растений по вегетации) применяли комплексный микробный препарат (КМП), в контроле – семена увлажняли водой. Отбор растений для анализов проводили в фазы кущения и цветения, экстракция фотосинтезирующих пигментов и определение их количества проведены по методике (Nayek S. et al., 2014), морфометрические исследования проводили на учетных делянках площадью 1м² в 3-й повторности согласно методики, утвержденной Госкомиссией РФ по испытанию и охране селекционных достижений (2020). Статистическая обработка результатов проведена с помощью специальных компьютерных программ Excel 2016 и Statistica 10.

Результаты наших опытов свидетельствуют о положительном влиянии КМП на содержание фотосинтезирующих пигментов в листьях нигеллы в фазу кущения. Так, отмечено достоверное увеличение содержания суммы хлорофиллов (*a+b*) и каротиноидов в опытных вариантах по сравнению с контролем у обоих сортов нигеллы. Накопление хлорофиллов в листьях растений составляло 0,81 и 0,63 мг/г (**И**), 0,61 и 0,65 мг/г (**И+**) для сортов Крымчанка и Ялита по сравнению с контролем (0,54 и 0,52 мг/г) соответственно.

Содержание каротиноидов в листьях достигало 0,29 и 0,26 мг/г (**И**), 0,22 и 0,24 мг/г (**И+**) для сортов Крымчанка и Ялита соответственно против 0,50 мг/г в контроле. В фазу цветения не выявлено достоверных различий по накоплению фотосинтезирующих пигментов в листьях растений опытных вариантов сравнительно с контролем для обоих сортов нигеллы. Также не выявлено достоверного влияния КМП на морфометрические показатели (высота, сухая масса) обоих сортов нигеллы, следует отметить лишь тенденцию к возрастанию высоты растений у сорта Ялита. Однако необходимо отметить, что для сорта Крымчанка получены достоверные статистически значимые изменения на уровне $p \leq 0,05$: увеличение количества боковых побегов и массы семян в плодах (**И**), (**И+**); увеличение количества плодов (**И+**), что способствовало возрастанию биологической урожайности семян до 1,4 (**И**) и 1,64 (**И+**) г/растение (0,52 г/растение в контроле).

Таким образом, результаты наших исследований свидетельствуют о сортовидахых различиях реакции нигеллы на инокуляцию комплексным микробным препаратом. Опыты будут продолжены в дальнейшем.

Список литературы:

- 1.Тихонович И.А., Проворов Н.А. Сельскохозяйственная микробиология как основа экологически устойчивого агропроизводства: фундаментальные и прикладные аспекты // Сельскохозяйственная биология. 2011. №3. С.3-9.
- 2.Завалин А.А., Алферов А.А., Чернова Л.С. Ассоциативная азотфиксация и практика применения биопрепаратов в посевах сельскохозяйственных культур // Агрохимия. 2019. №8. С.83--96. DOI:10.1134/S0002188119080143
- 3.Kumar A., Patel H. Role of microbes in phosphorus availability and acquisition by plants // International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences // 2018. Vol.7(5). P. 1344-1347. DOI:10.20546/ijemas.2018.705.161
- 4.Кожемяков А.П., Лактионов Ю.В., Попова Т.А. и др. Агротехнологические основы создания усовершенствованных форм микробных препаратов для земледелия // Сельскохозяйственная биология. 2015. Вып.50(3). С.369-376. DOI:10.15389/agrobiology.2015.3.369
- 5.Патент на изобретение РФ №2777194. 01.08.2022. «Комплексный биопрепарат для оптимизации минерального питания растений, защиты от фитопатогенов, повышения продуктивности и способ получения этого биопрепарата» // Патентообладатель ФГБУН «НИИСХ Крыма».
- 6.Прохоров В.Н. Нигелла – ценная хозяйственно-полезная культура (обзор) // Овощи России. 2021. №4. С.111-123. DOI:10.18619/2072-9146-2021-4-111-123

ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА ПРОДУКТИВНОСТЬ И НАКОПЛЕНИЕ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ ШАЛФЕЯ ЛЕКАРСТВЕННОГО

Горина А. А., Махинова Е. Ю.

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА*

имени К. А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева), 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49, E-mail: info@rgau-msha.ru

Шалфей (*Salvia*) – многолетнее и однолетнее травянистое растение и кустарник семейства яснотковые (или губоцветные). Его листья супротивные, цельные или перистые, цветки собраны в ложные мутовки, образующие метельчатые или колосовидные соцветия. Чашечка цветка двугубая, венчик может быть разных цветов: белый, жёлтый, сине-фиолетовый, розовый, малиновый, красный или тёмно-красный, верхняя губа прямая или шлемовидная, нижняя – трёхраздельная. На цветоножке расположено две тычинки с оригинальным рычажным устройством для опыления насекомыми. Плод состоит из четырёх орешковидных долей. Многие виды – эфирно-масличные растения.

По всему миру распространены около 986 видов шалфея. В России данное растение встречается в Европейской части, на Кавказе и на юге Сибири – в лесах, степях и лугах, по берегам рек. Шалфей использовали ещё в древности, считая наиболее практичным и полезным лекарством. Его использовал и Гиппократ – знаменитый древнегреческий врач.

Сегодня шалфей используют в разных сферах жизни: в медицине (шалфей лекарственный – *Salvia officinalis*), кулинарии (шалфей мускатный - *Salvia sclarea*), косметологии (шалфей лекарственный и шалфей мускатный) и даже как декоративное растение (шалфей лекарственный и шалфей зелёный - *Salvia viridis*). В народной медицине считается, что шалфей укрепляет всё тело.

Шалфей активно использовали и используют при заболеваниях многих частей тела: лёгкие, почки, желудок, полость рта. Также данное растение употребляют для подавления лактации у женщин и при бесплодии. Единственное противопоказание его применения – беременность. Шалфей нашёл широкое применение в качестве ароматерапии и в парфюмерии.

Фармацевтические свойства шалфея лекарственного обуславливаются его химическим составом. Эфирное масло в составе растения содержит пинен, сальвен, борнеол, цинеол, туйон, камфару и цедрен, обладающие вяжущими, противовоспалительными, дезинфицирующими, фитонцидными и противогрибковыми свойствами. В жидком экстракте листьев найдено 10 свободных и 11 связанных аминокислот, из которых доминирующими являются тирозин, серин, глутаминовая и аспарагиновая кислоты. Шалфей лекарственный также оказывает антимуtagenное действие, предохраняет генетический аппарат от повреждающего действия тетрахлорметана. Лютеолин-7-глюкозид шалфея лекарственного обладает заметными хемопревентивными свойствами, защищая ДНК от повреждающего воздействия свободного кислорода. Помимо перечисленных свойств это лекарственное растение обладает болеутоляющим, отхаркивающим, мочегонным, ветрогонным, эстрогенным и противогнилостным действием. Кроме эфирного масла в листьях шалфея лекарственного накапливаются дубильные вещества, которые также влияют на фармацевтические свойства.

Различные факторы, такие как свет, температура, давление, влажность могут воздействовать не только на развитие самого растения, но и на накопление метаболитов.

Соответственно, изучение влияния окружающей среды на продуктивность и накопление вторичных метаболитов очень важно.

В отношении шалфея лекарственного влияние спектрального состава света на продуктивность и накопление вторичных метаболитов - малоизученная тема. Но при этом в отношении других растений взаимосвязь света и накапливаемых в них веществ была выявлена и изучается до сих пор.

В дальнейшем планируется проведение экспериментов на базе лаборатории искусственного климата, где мы изучим, как спектральный состав света может влиять на продуктивность и биохимический состав метаболитов шалфея лекарственного (*Salvia officinalis* L.)

Список используемых источников

1. Джолимбетов О. Н., Аманбаева Н. М., Салиева Н. А. «Лечебные свойства шалфея лекарственного (*Salvia officinalis* L.C.)» // Форум молодых ученых. 2021. № 6 (58). С. 296-298.
2. Джабраилов Ю. М. «Лекарственные растения: влияние факторов внешней среды на содержание вторичных метаболитов» // Вестник курской государственной сельскохозяйственной академии. 2022. №9. С. 108-112.

КРЕМНИЙ И ЗАЩИТА ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР

Ибатуллин И.М.¹, Гилязов М.Ю.¹, Лукманов А.А.²

1 – ФГБОУ ВО «Казанский государственный аграрный университет» (ФГБОУ ВО Казанский ГАУ), 420015, РФ, Республика Татарстан, г.Казань, ул. К.Маркса, 65, E-mail: kandidatagrotat@gmail.com

2 – Татарский филиал ФГБУ «РосАгрохимслужба», 420059, РФ, Республика Татарстан, г.Казань, ул. Оренбургский тракт, д. 120

Зерновые (в первую очередь пшеница) являются наиболее востребованными из сельскохозяйственных культур, их выращиванию и экспорту придается государственное значение [1]. Как правило, для их культивирования отдают лучшие земли и выделяют лучшую технику. Всем известно выражение, что «кукуруза – царица полей», хотя по праву этого звания больше достойна пшеница. Важность в обеспечении продовольственной безопасности подчеркивает и тот факт, что помимо яровых возделывают и озимые формы зерновых культур. Внимание ученых сосредоточено на выведении новых перспективных сортов пшеницы, адаптированных к условиям местности, и изучении их продуктивности [2].

Для получения максимальных урожаев под зерновые активно вносят минеральные и органические удобрения и при необходимости проводят известкование кислых почв, на которых планируется их выращивание [3].

Однако мало посадить семена и удобрить почву, надо еще защитить растения от многочисленных вредителей и неблагоприятных факторов окружающей среды, которые могут помешать достичь запланированной урожайности. Для этих целей применяют пестициды – средства защиты растений химической природы. Однако их использование может нанести вред окружающей среде, а при попадании в организм млекопитающих – вызвать отравление [4]. Поэтому требуется эффективное и экономичное применение пестицидов с точно рассчитанной дозировкой для минимизации ущерба экосистеме [5].

Альтернативой пестицидам могут служить средства защиты растений на основе кремния, которые безопасны для живых существ и не загрязняют окружающую среду. Si является единственным элементом питания, который не нарушает состояние растений при его избытке. Поэтому можно применять кремнийсодержащие препараты без риска передозировки.

Кремний способен защитить зерновые культуры от вредителей и связанных с ними болезней. Развитию заболевания предшествует проникновение патогена в растительную клетку через первую линию обороны (воск, кутикулу и клеточные стенки). Кремниевый кислоты полимеризуются в эпидермальных тканях растения и образуют кремнецеллюлозный кутикулярный слой, который повышает механическую прочность корней и надземной части, становясь препятствием для насекомых-вредителей. Si участвует в формировании морфологических элементов (волосков, сосочков, трихом, щетинок), которые являются дополнительным барьером на пути патогена. Если же вредители все же проникли внутрь, то при участии кремния задействуется биохимический механизм и экспрессируются гены, кодирующие защитные ферменты [6]. Отмечено также, что Si снижает усвояемость и вкусовые качества листьев, уменьшая их поедание вредителями. Таким образом, кремний обеспечивает механическую, физиологическую и биохимическую защиту от патогенов [7].

Помимо биотических, кремний обеспечивает защиту и от абиотических стрессов: дефицита минерального питания, засухи, засоления, высоких и низких температур, ультрафиолетовых лучей, тяжелых металлов и т.д. В растениях происходит активное перераспределение Si с переносом в ткани, которые в наибольшей степени подвержены стрессовому воздействию [8]. Роль кремния в организме можно в некоторой мере сравнить со спецподразделением, которым затыкают наиболее опасные участки, если вражеское вторжение прорвало выстроенную линию обороны.

Si также повышает активность фотосинтеза и урожайность яровой пшеницы за счет улучшения усвоения питательных веществ из почвы. Кремнийсодержащие препараты можно считать экологически безопасной альтернативой пестицидам и применять при выращивании зерновых культур, особенно в неблагоприятных условиях.

Список литературы:

1. Qaderi, H. Kazakhstan grain market infrastructure and export development prospects / H. Qaderi // Студенческая наука - аграрному производству : Материалы 78-ой студенческой (региональной) научной конференции, Казань, 11–12 февраля 2020 года. Vol. 4. – Казань: Казанский государственный аграрный университет, 2020. – Р. 225-231. – EDN BSVHTM.

2. Продуктивность перспективных сортов озимой пшеницы при выращивании на планируемую урожайность в условиях орошения Терско-Сулакской подпровинции / М. Р.

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

А. Казиев, Н. Р. Магомедов, Л. Ю. Карасева, Н. Н. Магомедов // Проблемы развития АПК региона. – 2024. – № 3(59). – С. 39-44. – DOI 10.52671/20790996_2024_3_39. – EDN EDULUN.

3. Равзутдинов, А. Р. Влияние удобрений, извести и механической обработки нефтезагрязненной серой лесной почвы на урожайность яровой пшеницы / А. Р. Равзутдинов, М. Ю. Гилязов // Агрохимикаты в XXI веке: теория и практика применения : материалы международной научно-практической конференции, Нижний Новгород, 31 мая – 02 2017 года. – Нижний Новгород: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования "Нижегородская государственная сельскохозяйственная академия", 2017. – С. 266-269. – EDN YPFBRR.

4. Галиуллина, Э. И. Сравнительная терапевтическая эффективность лечения коров при отравлении пестицидами / Э. И. Галиуллина // Молодежные разработки и инновации в решении приоритетных задач АПК : материалы Международной научной конференции студентов, аспирантов и учащейся молодежи, посвященной 90-летию образования казанской зоотехнической школы (факультет ветеринарной медицины), Казань, 26 марта 2020 года / Совет молодых ученых и специалистов ФГБОУ ВО Казанской ГАВМ. Том 1. – Казань: Казанская государственная академия ветеринарной медицины имени Н.Э. Баумана, 2020. – С. 28-31. – EDN KFLNLB.

5. Замалетдинов, А. А. Анализ технологий защиты растений в сельском хозяйстве / А. А. Замалетдинов, Р. Р. Нургаянов // Развитие АПК и сельских территорий в условиях модернизации экономики : Материалы IV Международной научно-практической конференции, посвященной памяти доктора экономических наук, профессора Н.С. Каткова, Казань, 16–17 февраля 2023 года. Том 1. – Казань: Казанский государственный аграрный университет, 2023. – С. 100-106. – EDN BKHPPT.

6. The controversies of silicon's role in plant biology / D. Coskun, R. Deshmukh, H. Sonah, et al. // New Phytologist. 2019. Vol. 221. No. 1. Pp. 67-85. DOI: 10.1111/nph.15343.

7. Самсонова, Н. Е. Механизмы поглощения кремния и его содержание в растениях / Н. Е. Самсонова // Научное обеспечение инновационного развития агропромышленного комплекса регионов РФ : Материалы международной научно-практической конференции, Лесниково, 06 февраля 2018 года. – Лесниково: Курганская государственная сельскохозяйственная академия им. Т.С. Мальцева, 2018. – С. 635-640. – EDN VYHDNJ.

8. Ma J.F., Yamaji N. Silicon uptake and accumulation in higher plants // Trends Plant Sci. 2006. Aug. 11 (8). P. 392-397.

УРОЖАЙНОСТЬ ТОМАТА В ЗАЩИЩЕННОМ ГРУНТЕ ПРИ ПРИМЕНЕНИИ РЕГУЛЯТОРОВ РОСТА

Хлусов В.Н., Гончаров А.В.

***ФГБОУ ВО Министерства сельского хозяйства Российской Федерации «Российский
государственный университет народного хозяйства имени В.И. Вернадского»
(ФГБОУ ВО МСХ РФ РГУНХ имени В.И. Вернадского), Балашиха 143907, E-mail:
tikva2008@mail.ru***

Для реализации биологического потенциала сельскохозяйственных растений все большее значение приобретают регуляторы роста. Регуляторы роста используются для повышения всхожести и энергии прорастания семян, улучшения работы и стимуляции корневой системы, стимулирования развития вегетативной массы и фотосинтетической активности, стимулированию естественного иммунитета растений, повышению устойчивости растений к стрессовым факторам различной природы и как следствие повышению урожайности и качеству продукции. Использование регуляторов роста осуществляется в малых количествах, имеют часто природное происхождение, в связи с чем считаются экологически чистыми, что очень важно в последние годы, когда большую популярность приобретает здоровое питание. Экологизация сельского хозяйства в настоящее время приобретает все более широкое распространение как основа органического земледелия. Проведенные отечественными и зарубежными учеными исследования, свидетельствуют о высокой эффективности действия регуляторов на развитие, урожайность и качество продукции [1-19].

Изучали влияние регуляторов роста на урожайность и качество плодов томата гибрида Розарио F1 (2020-2021 гг.). Обработка препаратом Нарцисс (0,4 г/л) в способствовала формированию большего количества листьев, соответственно, большей площади фотосинтетической поверхности. Процесс созревания плодов томата достаточно растянут, в связи с этим съем плодов с растений проводили в период технической спелости. Техническая зрелость плодов томата в контрольном варианте отмечалась у 36,5% растений, в опытных вариантах – у 47,6 % (Нарцисс, 0,4 г/л) и 42,5% (Циркон, (0,1 г/л) растений. Применение препаратов привело к увеличению на момент сбора числа растений, вступивших в плодоношение, и количества плодов с растения, а также повлияло на формирование плодов, что несомненно сказалось на повышении урожайности. Статистическая обработка результатов исследований влияния регуляторов роста на урожайность и качество плодов томата в условиях тепличной культуры показала достоверную разницу в урожае между вариантами. Урожайность томата в контрольном варианте (без обработки) в оба года исследований была на уровне 24,5-24,6 кг/м², в изучаемых вариантах - Нарцисс (27,4 кг/м²-28,2 кг/м², Циркон (25,9-26,6 кг/м²).

Список литературы:

1. Гаспарян И.Н., Левшин А.Г., Ивашова О.Н., Гончаров А.В., Денискина Н.Ф., Гаспарян Ш.В. Лучшие практики применения технологий по адаптации отрасли растениеводства к изменениям климата: монография. М.: РГАУ-МСХА. 2024. 196 с.
2. Гончаров А.В., Акимова С.В., Панова М.Б. Овощеводство, плодоводство, виноградарство: учебное пособие. Балашиха: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2020. 104 с.
3. Гончаров А.В. Регуляторы роста растений на тыквенных культурах и картофеле в Нечерноземной зоне России: монография. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2015. 88 с.
4. Гончаров А.В., Стрелец В.Д. Овощные, лекарственные, плодовые и ароматические растения: словарь-справочник. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2016. 44 с.
5. Гончаров А.В., Гаспарян И.Н. Применение регуляторов роста на тыкве твердокорой в рассадный период. 2024. С. 90-92.
6. Жукова П.С. Регуляторы роста и гербициды на овощных культурах и картофеле. 1980. 198 с.

7. Закабунина Е.Н., Хаустова Н.А., Гончаров А.В. Регуляторы роста как элемент технологии возделывания свеклы столовой. 2023. С. 132-138.
8. Кефели В.И. Природные и синтетические регуляторы онтогенеза растений. 1990. 157 с.
9. Клопов М.И., Гончаров А.В., Максимов В.И. Гормоны, регуляторы роста и их использование в селекции и технологии выращивания сельскохозяйственных растений и животных: учебное пособие. СПб.: Лань. 2016. 374 с.
10. Колесниченко Е.Л., Жилиев А.М., Гончаров А.В., Верзилин В.В. Влияние ретардантов на рост и развитие петунии гибридной. 2017. С. 49-52.
11. Ленькова М.А., Хлусов В.Н., Гончаров А.В. Изучение особенностей освещенности при выращивании растений. 2025. С. 44-46.
12. Мамедова Е.Г., Хлусов В.Н. Применение регуляторов роста в производстве продукции закрытого грунта. 2022. С. 31-35.
13. Мамонов Е.В., Старых Г.А., Гончаров А.В. Применение регуляторов роста растений на культурах семейства Тыквенные (Cucurbitaceae). 2012. 2: 94-99.
14. Старых Г.А., Гончаров А.В. Влияние регуляторов роста на урожайность и качество плодов гибридов огурца в условиях открытого грунта Московской области. 2013. 31: 31-36.
15. Старых Г.А., Гончаров А.В. Овощеводство защищенного грунта: учебное пособие. М.: ФГБОУ ВПО РГАЗУ. 2014. 116 с.
16. Сурова Н.С., Хлусов В.Н., Гончаров А.В. Оптимизация питания многолетних трав в условиях Московского региона. 2025. С. 70-72.
17. Ушаков О.В., Костенко М.Ю., Закабунина Е.Н., Гончаров А.В. К вопросу о производстве агрохимикатов на основе гуминовых веществ по кавитационной технологии. 2024. 4(60): 96-102.
18. Халфаев М.Т., Хлусов В.Н. Эффективность системы защиты яблоневого сада в условиях Азербайджанской республики. 2023. С. 127-133.
19. Goncharov A.V., Golubkina N.A., Pivovarov V.F., Gasparian I.N., Caruso G. Comparative evaluation of biochemical parameters and mineral composition of Cucurbita ficifolia, C. maxima and C. moschata fruit, grown in the Northern hemisphere // Vegetable Crops of Russia. 2022. 4: 46-54.

ИСКУССТВЕННЫЙ ИНТЕЛЛЕКТ, ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ И АДДИТИВНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ: НОВЫЙ ИНСТРУМЕНТАРИЙ АГРОБИОТЕХНОЛОГИЙ

Кириллов Б.А., Кузьмин А.А., Коломенский Д.С.

*Автономная некоммерческая образовательная организация высшего образования
«Сколковский институт науки и технологий», Москва 121205; E-mail:*

Bogdan.Kirillov@skoltech.ru

Современная агробιοтехнология переживает фундаментальную трансформацию, вызванную конвергенцией цифровых и биологических наук. Традиционные подходы,

основанные на длительной селекции и классических методах генной инженерии, все чаще оказываются недостаточно эффективными для решения глобальных вызовов продовольственной безопасности и промышленного производства. Ответом на эти вызовы становится формирование принципиально нового инструментария, основанного на синергии трех ключевых технологий: искусственного интеллекта, генетического редактирования и аддитивных технологий [1]. Именно эта триада открывает возможность создания замкнутого цикла «дизайн-создание-валидация» для биологических объектов агропромышленного комплекса.

Длительные циклы селекции и трудоемкие процессы валидации новых признаков становятся узким местом. Мы предлагаем решение, которое позволяет сократить этот временной цикл — платформу адаптивной 3D-биопечати, управляемую алгоритмами искусственного интеллекта. Главное преимущество, которое мы предлагаем научному сообществу, — это возможность быстрой и точной материализации идей для их последующего тестирования.

Ключевым элементом нашей платформы является система адаптивной 3D-биопечати, управляемая искусственным интеллектом по принципу Human-in-the-Loop Active Learning [2]. В этой системе алгоритмы машинного обучения не работают автономно, а активно взаимодействуют с исследователем-экспертом. Модель ИИ целенаправленно выбирает для печати наиболее информативные или неопределенные параметры конструкции, результаты экспериментальной валидации которых оператор вносит обратно в систему. Этот итеративный цикл с обратной связью позволяет алгоритму целенаправленно и быстро обучаться, накапливать экспертные знания для оптимизации биологических свойств создаваемых тканевых конструкторов. Такой подход минимизирует количество необходимых экспериментов и повышает точность воспроизведения сложных биологических структур. Однако истинная эффективность этой платформы раскрывается при ее интеграции с методами генетического редактирования.

Для дизайна экспериментов по генетическому редактированию мы применяем ранее разработанный членами нашей команды метод интерпретируемого метода поиска оптимальных геновых РНК с помощью машинного обучения [3]. Он позволяет не только предсказывать эффективность геновых РНК, но и количественно оценивать неопределенность этих предсказаний, что минимизирует риски нецелевых мутаций и обеспечивает беспрецедентную точность редактирования. Интеграция этого проверенного метода в нашу платформу создает надежную интеллектуальную основу для создания новых экспериментальных агрокультур.

Интеграция генетического редактирования, аддитивных технологий и искусственного интеллекта позволит создавать фитоорганойды [4] — миниатюрные функциональные модели растительных тканей для ускоренного тестирования отредактированных линий на устойчивость к патогенам или стрессам. Такие модели, в теории, радикально сокращают время валидации по сравнению с полевыми испытаниями.

В перспективе развитие этого направления связано с созданием автономных биофабрик, способных осуществлять полный цикл (от компьютерного моделирования до

создания готовых биотехнологических решений) производства ценных вторичных метаболитов растений или животных без выращивания самих растений или животных [5]. Мы разрабатываем платформу для создания трехмерных тканеподобных конструкций из клеток, где с помощью генетического редактирования и оптимального пространственного размещения разных типов клеток воссоздается микроокружение, необходимое для запуска целевых биосинтетических путей. Представленный инструментарий не просто расширяет возможности агrobiотехнологий, а формирует новую парадигму — парадигму программируемого создания биологических систем с заданными свойствами для устойчивого развития агропромышленного комплекса.

Список литературы:

1. Liu B., Jiang H., Li L. The innovative applications and prospects of artificial intelligence in agricultural research: Gene editing, crop improvement, and intelligent data analysis //Advances in Resources Research. – 2024. – Т. 4. – №. 4. – С. 624-653.
2. Monarch R. M. Human-in-the-Loop Machine Learning: Active learning and annotation for human-centered AI. – Simon and Schuster, 2021.
3. Kirillov B. et al. Uncertainty-aware and interpretable evaluation of cas9–grna and cas12a–grna specificity for fully matched and partially mismatched targets with deep kernel learning //Nucleic acids research. – 2022. – Т. 50. – №. 2. – С. e11-e11.
4. Calcutt R. et al. Plant cell adhesion and growth on artificial fibrous scaffolds as an in vitro model for plant development //Science Advances. – 2021. – Т. 7. – №. 43. – С. eabj1469.
5. Malabadi R. B. Applications of 3D Printing in Plant Science-An Updated Review //GSC Advanced Research and Reviews,. – 2025.

О БИОХИМИЧЕСКОМ СОСТАВЕ ПЛОДОВ И СЕМЯН ТЫКВЫ КРУПНОПЛОДНОЙ

Кокоева М.А., Гончаров А.В.

*ФГБОУ ВО Министерства сельского хозяйства Российской Федерации «Российский
государственный университет народного хозяйства имени В.И. Вернадского»
(ФГБОУ ВО МСХ РФ РГУНХ имени В.И. Вернадского), Балашиха 143907, E-mail:
tikva2008@mail.ru*

Тыква крупноплодная (*Cucurbita maxima*) однолетнее культурное растение семейства Тыквенные (*Cucurbitaceae*). Плоды тыквы крупноплодной являются самые крупными в растительном мире. В 2025 году в России выращен плод тыквы крупноплодной массой 969 кг, рекорд принадлежит Александру Чусову, который был установлен на контрольном взвешивании в ботаническом саду МГУ «Аптекарский огород». В настоящее время тыква крупноплодная выращивается по всему миру, но особенно в Южной Америке, Европе, США, Индии, на Филиппинах и в Южной Африке. Существует ряд подвидов (группы сортов) тыквы крупноплодной: Banana (удлинённые плоды, заострённые на концах, белая кожура и коричневые семена); Delicious (тырбаноподобные

плоды, белые семена); Hubbard (овальные плоды, белые семена); Marrow (форма плода круглая или грушеобразная, сужающаяся к краям и к основанию, белые семена); Kabocha (округлые или тюрбановидные плоды); Show (большие, оранжевые плоды с белой кожицей и белыми семенами); Turban (тюрбаноподобные плоды). В России выращивается более 100 сортов и гибридов тыквы крупноплодной (Волжская серая 92, Крупноплодная 1, Стофунтовая, Грибовская зимняя, Спасительница, Крошка, Кустовая золотая, Улыбка). В настоящее время культура тыквы представляет большой интерес как продукт функционального питания, для использования в селекции и интродукции [1-19].

Изучали биохимический состав, морфометрические показатели плодов и семян 40 сортообразцов тыквы крупноплодной различного эколого-географического происхождения отечественной и иностранной селекции в условиях Московской области в 2025 г. При проведении исследований выделены сортообразцы тыквы крупноплодной, отличающиеся массой плода (0,7-11 кг), формой плода - удлинённая, округая, сплюснутая, чалмовидная; окраской плода - красная, оранжевая, ярко-желтая, желтая, серая, зеленая, сизая с белыми полосками. Изученные сортообразцы тыквы крупноплодной отличались высоким содержанием в плодах растворимых сухих веществ (8-12 %), каротина (6-10,5 мг%), сахаров (3,5-7,0 %); мякоть плода варьировалась по окраске - светло-желтая, ярко-желтая, оранжевая, оранжево-красноватая; по консистенции - плотная сухая, плотная влажная, с насыщенным или слабонасыщенным ароматом; семенное гнездо в плодах отличалось наибольшими параметрами у сортообразцов с округлой формой; толщина мякоти колебалась от 2,9 до 4,8 см. Семена сортообразцов тыквы выделялись по окраске - белая, коричневая, по размеру - мелкие (у плодов массой 2,5-4 кг), средние, крупные (у плодов массой 6-11 кг), по форме - округлые, удлинённые, овальные; содержание масла в семенах варьировалось в пределах 33,6-47,5 %.

Список литературы:

1. Биджамов Г.А., Гончаров А.В. Перспективы использования тыквы и патиссона. Научное обеспечение инновационного развития сельского хозяйства. Махачкала. 2024. 355-358.
2. Гаспарян И.Н., Левшин А.Г., Ивашова О.Н., Гончаров А.В., Денискина Н.Ф., Гаспарян Ш.В. Лучшие практики применения технологий по адаптации отрасли растениеводства к изменениям климата: монография. М.: РГАУ-МСХА. 2024. 196 с.
3. Гончаров А.В., Акимова С.В., Панова М.Б. Овощеводство, плодоводство, виноградарство: учебное пособие. Балашиха: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2020. 104 с.
4. Гончаров А.В., Шитикова А.В. Регуляторы роста растений на тыквенных культурах и картофеле в Нечерноземной зоне России: монография. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2015. 88 с.
5. Гончаров А.В., Стрелец В.Д. Овощные, лекарственные, плодовые и ароматические растения: словарь-справочник. М.: ФГБОУ ВО РГАЗУ. 2016. 44 с.
6. Гончаров А.В., Закабунина Е.Н., Можаяев Е.Е., Данилов Е.В. Производство овощных и бахчевых культур в Российской Федерации в условиях изменения климата // Вопросы права, экономики и технологий. 2025. 3(11): 35-48.
7. Гончаров А.В., Мусаев Ф.Б., Тареева М.М. Сортимент кабачка, патиссона, тыквы, арбуза, дыни в Российской Федерации // Аграрная наука. 2020. 4: 67-71.

8. Гончаров А.В. Влияние методов механизированного возделывания на семенную продуктивность различных сортов тыквы в Нечернозёмной зоне // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2022. 2(94): 119-125.
9. Гончаров А.В. Сортовые ресурсы тыквенных культур // Картофель и овощи. 2010. 8: 18-19.
10. Гончаров А.В. Производство и сортимент овощных культур в обеспечении продовольственной безопасности Российской Федерации. Луганск. 2025. 23-25.
11. Казыдуб Н.Г., Каштанова Ю.А., Фалалеева Е.В., Гончаров А.В., Гаспарян И.Н. Агроэкономическая оценка перспективных образцов тыквы в органическом земледелии в условиях южной лесостепи Западной Сибири. Тенденции развития науки и образования. 2022. № 84-1: 145-152.
12. Казыдуб Н.Г., Каштанова Ю.А., Фалалеева Е.В., Гончаров А.В. Агроэкологические аспекты тыквы в органическом земледелии в условиях южной лесостепи Западной Сибири // Известия ФНЦО. 2022. 2: 114-121.
13. Каштанова Ю.А., Казыдуб Н.Г., Гончаров А.В. Оценка адаптивности и качественных показателей нового сорта тыквы мускатной Омская булава (*Cucurbita moschata* Duch.) в условиях южной лесостепи Западной Сибири // Вестник Омского государственного аграрного университета. 2025. 1(57): 41-51.
14. Каштанова Ю.А., Казыдуб Н.Г., Гончаров А.В. Морфометрические показатели нового сорта тыквы мускатной - "Омская булава". Омск. 2024. 19-24.
15. Клопов М.И., Гончаров А.В., Максимов В.И. Гормоны, регуляторы роста и их использование в селекции и технологии выращивания сельскохозяйственных растений и животных: учебное пособие. СПб.: Лань. 2016. 374 с.
16. Мамонов Е.В., Старых Г.А., Гончаров А.В. Применение регуляторов роста растений на культурах семейства Тыквенные (*Cucurbitaceae*) // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2012. 2: 94-99.
17. Скорина В.В., Гончаров А.В., Почтовая Н.Л. Результаты государственного испытания новых сортов тыквы для Беларуси // Известия ФНЦО. 2022. 3-4: 32-37.
18. Goncharov A.V., Golubkina N.A., Pivovarov V.F., Gasparyan I.N., Caruso G. Comparative evaluation of biochemical parameters and mineral composition of *Cucurbita ficifolia*, *C. maxima* and *C. moschata* fruit, grown in the Northern hemisphere // Vegetable Crops of Russia. 2022. 4: 46-54.
19. Goncharov A.V., Gasparyan Sh.V., Levshin A.G., Gasparyan A.Sh., Gasparyan I.N. Fatty acid composition of seeds of pumpkin (*Cucurbita*) varieties cultivated mechanized in the conditions of the Nonchernozem zone of the Russian Federation. 2022. С. 012083.

БИОПРЕПАРАТЫ И КОРНЕВАЯ СИСТЕМА ПШЕНИЦЫ ЯРОВОЙ

Корчагина И.А.

**ФГБНУ «Омский аграрный научный центр» (ФГБНУ Омский АНЦ),
Омск, 644012; e-mail: korchagina@anc55.ru**

Работа выполнена при финансовой поддержке Минобрнауки РФ
ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

поискового исследования (тема: FNUN 2024-0004).

Сельскохозяйственные культуры питаются через корни и листья, так как они обитают одновременно в двух средах: корни в почве, стебли и листья – в воздухе. В листьях и корнях протекают многочисленные синтетические процессы, продуктами которых непрерывно обмениваются надземные и подземные органы растения пшеницы яровой [1].

При решении ряда агротехнических вопросов необходимо учитывать особенности распределения корней в почве. Корневая система культурных растений располагается в форме опрокинутого конуса с основанием в пахотном слое, где сосредоточено около 70-90% массы корней и около 50-60% по длине [2].

Цель исследований - изучить развитие корневой системы пшеницы мягкой и твердой в начальный период их развития.

Условия и методика. Исследования проведены в 2025 году на опытных полях Омского АНЦ. Погодные условия текущего года характеризовались достаточным увлажнением (290 мм) при ГТК 1,35. В мае температура воздуха была на уровне нормы (13,8⁰С), сумма осадков выше нормы на 178% с максимальным значением во второй декаде. Относительно жаркий (превышение нормы на 2,4⁰С) и сухой июнь (осадков меньше на 53%) способствовали развитию корневой системы пшеницы яровой.

Почва опытного участка - лугово-черноземная тяжелосуглинистая с содержанием гумуса 7-8%. Севооборот четырёхпольный зернопаровой. Сорт пшеницы мягкой яровой Омская 42, пшеницы твёрдой яровой – Омский лазурит. Площадь делянки составила 20 м², повторность – четырёхкратная.

Обработка семян проведена перед посевом. Изучали биологические фунгициды: Псевдобактерин 3 (живые клетки штамма *Pseudomonas aureofaciens* ВКМ В-2391 Д), Оргамика Ф (конидии *Trichoderma asperellum* ВКПМ F-1323) и Оргамика С (споры *Bacillus atyloliquefaciens* ВКПМ В-12464).

Отбор растений пшеницы яровой проведен в двух несмежных повторениях в полевых условиях на 3-5 сутки (зародышевые корни - первичная корневая система) и на 8-10 сутки (узловые корни - вторичная корневая система) после всходов, измерение органов проростков (длина и количество корешков) - в лаборатории по методике Ю.С. Ларионова (1992).

Результаты исследований. Как у большинства злаковых культур корневая система пшеницы мягкой и твердой имеет мочковатую форму, располагаясь в пахотном слое почвы.

Основной ролью корневой системы является поглощение воды и минеральных веществ из почвы. Другими функциями являются: укрепление растения, синтез различных сложных веществ, процесс дыхания. Процесс поглощения питательных продуктов берет на себя вся корневая система растений, состоящая из зародышевых coleoptильных и узловых корней, которые проникают в почву на глубину до 1,5 метров. Зародышевая корневая система представляет собой главный корень и от двух до шести придаточных, вырастает из зачатков корней, имеющих в зародыше зрелого семени. Вскоре, после начала кущения, над местом прикрепления первого листа у главного побега образуется первая пара узловых корней. У яровой пшеницы обычно развивается три-четыре яруса узловых корней и все они в целом составляют вторичную корневую систему. В начальный период развития растения

основную роль в поглощении воды играет первичная корневая система, а с периода цветения – вторичная [1,4].

Наиболее значимым увеличением длины корней отмечено на вариантах Псевдобактерин 3 и Оргамика С на 1,5-6,8 мм (2,1-6,8%) у пшеницы мягкой и на 1,9-8,9 мм (2,8-10,8%) - твердой как первичных, так и вторичных.

В увлажненном 2025 году пшеница сформировала два вида корней, но особых различий у мягкой и твердой не выявлено: длина корней 69,4-76,7 мм и их количество 3,5-4,0 шт.

Таким образом, достаточное количество влаги в пахотном слое позволило развить короткокорешковые растения со средней численностью корней. Инокуляция семян биопрепаратами Псевдобактерин 3 и Оргамика С способствовала благоприятному воздействию на ризосферу растений, обеспечив прибавку зерна 0,19 т/га (5%) пшеницы мягкой и 0,08-0,27 т/га (4-11%) пшеницы твердой.

Список литературы:

1. Зыкин В.А., Шаманин В.П., Белан И.А. Экология пшеницы: монография. 2000. 124.
2. Корчагина И.А., Юшкевич Л.В. Сорта пшеницы в интенсивном земледелии Омского Прииртышья. 2023. 172.
3. Ларионов Ю.С. Вопросы семеноводства зерновых культур (некоторые аспекты теории и практики). 1992. 160.
4. Новохатин В.В. Первичная корневая система яровой мягкой пшеницы // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2015. 1:35-39.

УПРАВЛЕНИЕ ВТОРИЧНЫМ ЭМБРИОГЕНЕЗОМ В КУЛЬТУРЕ ИЗОЛИРОВАННЫХ МИКРОСПОР *IN VITRO* МОРКОВИ СТОЛОВОЙ (*DAUCUS CAROTA* L.): ВЛИЯНИЕ СОСТАВА И КИСЛОТНОСТИ ПИТАТЕЛЬНОЙ СРЕДЫ

Кулаков Ю.В.^{1,2}, Вюртц Т.С.¹, Домблидес Е.А.¹

1 – ФГБНУ «Федеральный Научный Центр Овощеводства» (ФГБНУ ФНЦО),
Московская обл., Одинцовский городской округ, поселок ВНИИССОК 143080; E-mail:
ykulakov12@yandex.ru

2 – Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования «Российский государственный аграрный университет — МСХА
имени К. А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К. А. Тимирязева), Москва
127434

Метод культуры изолированных микроспор *in vitro* является одним из наиболее эффективных подходов в технологии удвоенных гаплоидов, позволяющий получать полностью гомозиготные растения за одно поколение [1]. Для моркови столовой данный метод предпочтительнее альтернатив (таких как культура пыльников или неопыленных семяпочек *in vitro*), поскольку позволяет избежать технических сложностей, связанных с

малыми размерами цветка, и минимизирует риск соматического эмбриогенеза, что гарантирует гаметофитное происхождение регенерантов. Однако эффективность метода может быть искажена из-за явления вторичного эмбриогенеза, приводящего к клональному размножению первичных эмбриоидов, что требует тщательного изучения и контроля.

Целью данного исследования являлось комплексное изучение влияния состава и кислотности (pH) питательной среды на процесс вторичного эмбриогенеза в культуре изолированных микроспор моркови столовой.

Для изучения влияния состава питательной среды и ее кислотности были использованы эмбриониды моркови столовой сортов Алтайская лакомка, Лобберихер и Минор. Цитологические наблюдения проводили на 1, 3, 7, 14, 28 и 60 дни культивирования с использованием инверторного микроскопа Primo Vert (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany) с камерой AxioCam ERc5s и стереомикроскопом Stemi 508 с камерой AxioCam 305 color (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany). Эмбриониды культивировали на средах MSm [2] с вариацией сахарозы (2% и 13%) и регуляторов роста (0,2 мг/л кинетина; 1 мг/л 2,4-Д с 1 мг/л НУК; безгормональная). В процессе эксперимента использовалась как жидкие, так и агаризованные питательные среды (с добавлением 7 г/л агара). Фактор кислотности среды был изучен на жидкой среде MSm с 2% сахарозой и 0,2 мг/л кинетина при различных уровнях pH: 5,3; 5,8 (контроль); 6,3. Количество вторичных эмбриоидов подсчитывали с помощью программы ScopePhoto. Статистический анализ и визуализацию данных проводили с использованием программного обеспечения Statistica 7.0 и Microsoft Excel. Данные подвергали дисперсионному анализу с последующим сравнением групповых средних (тест множественного ряда Дункана (MRT)) при уровне вероятности $P \leq 0,05$.

Цитологический анализ установил, что наблюдаемое увеличение количества эмбриоидов после 30 дней культивирования связано не с одновременным развитием, а с активным процессом вторичного эмбриогенеза, инициируемым на поверхности первичных эмбриоидов, начиная с глобулярной стадии. Количество образуемых вторичных эмбриоидов (клонально идентичных первичному) варьировало от 15 до 500 штук на один исходный эмбрионид к 60 дню культивирования и зависело от генотипа и условий культивирования.

Фактор питательной среды оказывал доминирующее влияние (74%) на выход вторичных эмбриоидов, превосходя влияние генотипа (10%). Добавление кинетина достоверно стимулировало процесс вторичного эмбриогенеза. Наибольший выход достигнут на жидкой среде MSm с 2% сахарозой и 0,2 мг/л кинетина (27,67 – 61,77 эмбриоидов/эксплант к 30 дню культивирования). При этом индукционные среды с 13% сахарозой подавляли процесс вторичного эмбриогенеза вне зависимости от присутствующих регуляторов роста.

Повышение pH оптимальной для вторичного эмбриогенеза питательной среды MSm до 6,3 оказало статистически значимое стимулирующее действие на эмбриогенез у эмбриоидов образца Минор и не значимое у эмбриоидов образца Лобберихер. Достоверных различий между средами с pH 5,3 и 5,8 (контроль) для изученных генотипов не выявлено. Было подтверждено, что генотип и морфология первичного эмбриоида является ключевым фактором, определяющим ответ на изменение кислотности и морфологическую норму развивающихся вторичных эмбриоидов.

Исследование вторичного эмбриогенеза на агаризованной питательной среде показало, что он протекал менее интенсивно, часто приводя к образованию сращенных «полиэмбриоидов» и каллуса. Использование жидких сред оказалось предпочтительным, так как исключало повреждение корневой системы при пересадке с агара, что способствовало в последующем регенерации жизнеспособных растений.

По результатам исследований для достоверного учета первичных эмбриоидов в культуре изолированных микроспор и сохранения генетического разнообразия в селекционных программах необходимо их индивидуальное перемещение с индукционной среды на регенерационную, как только эмбриоид достигает глобулярной стадии развития и будет виден невооруженным глазом (не позднее 30-го дня культивирования).

Для целенаправленного клонального микроразмножения эмбриогенных линий рекомендована жидкая среда MSm с 2% сахарозой, 0,2 мг/л кинетина и pH в диапазоне 5,8-6,3. Конкретный оптимум pH следует подбирать с учетом генотипа. Для одних генотипов повышение pH может быть эффективным приёмом стимуляции, в то время как для других это не является лимитирующим фактором. Строгий отбор морфологически нормальных первичных эмбриоидов является обязательным условием для получения качественных эмбриоидов для последующей регенерации полноценных растений.

В результате проведенных исследований была разработана усовершенствованная схема управления эмбриогенезом в культуре микроспор моркови, которая позволяет контролировать процесс для получения генетически разнообразных ДН-линий или, напротив, эффективно клонировать ценные эмбриогенные линии. Культура вторичных эмбриоидов моркови может представлять перспективную модель для проведения предварительного скрининга токсичности и исследования специфических эффектов биологически активных соединений.

Список литературы:

1. Seguí-Simarro J.M., Moreno J.B., Fernández M.G. et al. Species with haploid or doubled haploid protocols. In: Segui-Simarro J.M., editor. Doubled haploid technology: Volume 1: General Topics, Alliaceae, Cereals. Methods in molecular biology. // Humana Press. 2021 Vol. 2287 P. 41-103 http://doi/10.1007/978-1-0716-1315-3_3
2. Masuda K., Kikuta Y., Okazawa Y. A revision of the medium for somatic embryogenesis in carrot suspension culture. // J. Fac. Agr. Hokkaido Univ. 1981. Vol. 60. P. 183-193.

ПОВЫШЕНИЕ УСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ ПШЕНИЦЫ К МЕДИ С ПОМОЩЬЮ *BACILLUS SUBTILIS*

Курамшина З. М., Резванов В. М.

***Стерлитамакский филиал Уфимского университета науки и технологий (СФ
УУНИТ), г. Стерлитамак 453103, E-mail: z.m.kuramshina@struust.ru***

Медь (Cu) является важным микроэлементом, который необходим в следовых количествах для важных физиологических функций растений, таких как фотосинтез, метаболизм углерода и азота, синтеза клеточной стенки, для защиты от окислительного стресса и др. Кроме того, в зависимости от степени окисления, медь может выступать в

качестве восстановителя или окислителя в различных биохимических реакциях. Дефицит меди, обычно определяемый как концентрация ниже 5 мг/кг от сухого веса растения, может серьезно ухудшить рост растений. Симптомы первоначально проявляются в молодых листьях и репродуктивных органах и включают изменение корневой архитектуры, деформацию листьев, хлороз и некроз. Дефицит меди также связан со снижением содержания хлорофилла и нарушением фотосинтеза, снижение активности разнообразных ферментов [1, 2].

Медь в высоких концентрациях становится токсичной и вызывает неблагоприятные морфологические, физиологические и молекулярные эффекты на протяжении всего роста и развития растений. В многочисленных исследованиях сообщалось о снижении всхожести семян при воздействии меди, хотя степень этого эффекта значительно варьирует у разных видов, что указывает на разные уровни толерантности [1, 2]. Высокий уровень меди также негативно влияет на морфологию растений, уменьшая длину корней и стеблей и ограничивая расширение листьев, что в конечном итоге снижает биомассу и продуктивность. Кроме того, избыток меди может препятствовать усвоению и накоплению других необходимых минеральных питательных веществ. Эти токсические эффекты зависят от вида растения, концентрации меди, продолжительности воздействия и условий произрастания [1, 2].

Пшеница (*Triticum aestivum* L.) является основной сельскохозяйственной культурой, широко культивируемой во всем мире. Чрезмерное содержание меди в загрязненных почвах может привести к значительным потерям урожайности пшеницы [1, 2]. Одной из стратегий для снижения токсичности меди для растений, включая пшеницу, является использование микроорганизмов. Известно, что бактерии, способствующие росту растений (PGPB), могут использоваться в качестве биоинокулянтов для повышения толерантности растений к металлам [1, 2, 3].

Нами были проведены исследования по влиянию *Bacillus subtilis* шт. 26Д на рост растений пшеница сорта Казахстанская 10 в условиях воздействия ионов меди. Инокулированные и контрольные семена выращивали в чашках Петри (d=120 мм). В экспериментах использовали CuSO_4 в концентрациях 1, 10, 20, 40, 60, 80, 100, 140, 200 мг/л (в пересчете на ионы металла). Измерения длины побегов и корней проводили на пятые сутки роста.

В результате проведенных экспериментов нами было показано, что при отсутствии стресс-фактора длина побегов растений пшеницы, семена которых были инокулированы клетками бактерий *B. subtilis* 26Д, была больше, чем у контрольных (необработанных бактериями) растений на 12.3%. Все исследованные концентрации меди подавляли рост растений, токсичность металла повышалась с ростом его концентрации в среде выращивания. В условиях действия меди у растений пшеницы, обработанных бактериями *B. subtilis*, длина побегов была больше, чем у необработанных растений. Наиболее заметные различия в длине побегов наблюдали при высоких концентрациях металла. Так при концентрациях меди 60, 100, 140, 200 мг/л, длина побегов растений, обработанных бактериями была больше, чем у необработанных на 47.1, 79.8, 103.1, 25.2%, соответственно.

Инокуляция семян бактериями положительно сказывалась и на количестве и показателях длины корней исследованных растений. При отсутствии ионов меди в растворе выращивания длина корней растений пшеницы, семена которых были инокулированы клетками бактерий *B. subtilis*, была больше, чем у контрольных (необработанных бактериями) растений на 9.2%. У обработанных бактериями *B. subtilis* растений пшеницы длина корней при концентрация 60, 80, 100, 200 мг/л была больше, чем у необработанных на 7.8, 34.2, 48.2, 27.2%, соответственно. Количество корней при исследованных концентрациях у обработанных бактериями растений пшеницы было в два раза больше, чем у неинокулированных.

В проведенных исследованиях нами было показано, что корневая система растений пшеницы была более чувствительной к действию меди, чем побеги. Известно, что когда растения подвергаются действию меди сверх допустимых пределов, их корневая система повреждается в первую очередь и ухудшается их водопоглощающая способность, из-за чего следует высыхание растения, скручивание листьев, а также резкое снижение биомассы [1, 2, 3].

В условиях действия тяжелых металлов метаболическая активность эндофитных бактерий позволяют им оказывать дополнительное благотворное влияние на рост растений. Эндофиты стимулируют выработку незаменимых растительных гормонов, включая индолуксусную кислоту, цитокинин и гиббереллиновую кислоту, которые стимулируют рост растений [2, 3, 4]. В условиях стресса эндофиты способствуют также секреции органических молекул и внеклеточных полимеров из корневой системы для связывания тяжелых металлов и ограничения притока тяжелых металлов в клетки. Полисахаридные компоненты в клеточной стенке являются местами связывания тяжелых металлов и адсорбции [2, 3].

Таким образом, очевидно, что взаимодействие пшеницы и бактерий может обеспечить многообещающий подход к снижению фитотоксичности тяжелых металлов, в частности ионов меди.

Список литературы:

1. Petrus M., Popa C., Bratu A.-M., Joita A.C., Bercu V. Evaluating Copper-Induced Oxidative Stress in Germinating Wheat Seeds Using Laser Photoacoustic Spectroscopy and EPR Techniques. *Toxics*. 2025, 13(7):604. <https://doi.org/10.3390/toxics13070604>
2. Yue Z., Chen Y., Chen C., Ma K., Tian E., Wang Y., Liu H., Sun Z. Endophytic *Bacillus altitudinis* WR10 alleviates Cu toxicity in wheat by augmenting reactive oxygen species scavenging and phenylpropanoid biosynthesis. *Journal of Hazardous Materials*. 2021, Vol. 405, 5 124272 <https://www.sciencedirect.com/journal/journal-of-hazardous-materials>
3. Cui J., Nie F., Zhao Y., Zhang D., Zhou D., Wu J., Qu L., Lu X. A review on plant endophytes in response to abiotic stress. *Environmental Pollutants and Bioavailability*. 2024, 36(1). <https://doi.org/10.1080/26395940.2024.2323123>

4. Smile Sharma, Mahavir Joshi, Microbial strategies for enhancing wheat and rice resilience to drought, salinity, and heat stress, Rhizosphere. 2025, Vol. 34, 101108, <https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2025.101108>.

ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА НАКОПЛЕНИЕ ФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ ВОЛДЫРНИКОМ ЯГОДНЫМ В УСЛОВИЯХ СВЕТОКУЛЬТУРЫ

Махинова Е.Ю., Анисимов А.А., Авакумов А.Д.

ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49,

E-mail: info@rgau-msha.ru

Промышленное получение многих необходимых в фармацевтике соединений, в том числе фитоэкдистероидов, сердечных гликозидов, флавоноидов, кумаринов и эфирных масел возможно реализовать только путём выделения их из лекарственного растительного сырья.

В представленной работе проведено исследование влияния спектрального состава света на морфофизиологические реакции лекарственного растения волдырника ягодного *Cucubálus báccifer* L. в условиях лаборатории искусственного климата РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева. В опыте изучались растения, которые выращивали до технологической спелости, и шесть источников освещения. Изучали рост и развитие растений *Cucubálus báccifer* L., выращенных при разном спектральном составе света. Определяли показатели накопления сырой и сухой биомассы, площадь листовой поверхности, содержание фотосинтетических пигментов, антоцианов и т.д. Были изучены условия максимальной реализации биологического потенциала растений *Cucubálus báccifer* L. при выращивании в условиях искусственных агросистем.

Оценена перспективность использования светодиодного освещения для выращивания *Cucubálus báccifer* L. в искусственных условиях.

Волдырник ягодный (*Cucubalus baccifer* L.) — вид, относящийся к семейству Гвоздичные (*Caryophyllaceae*). В современной систематике чаще рассматривается в составе рода *Silene* под названием *Silene baccifera* (L.) Roth. Однако в отечественной ботанической литературе нередко сохраняется традиционное название *Cucubalus baccifer*, отражающее морфологические особенности растения и его историческую классификацию. *Cucubalus baccifer* содержит целый ряд ценных вторичных метаболитов. Особенно примечательны нор-сесквитерпены, редкие тритерпены и несколько типов экдистероидов, содержание которых сопоставимо с признанными лекарственными видами. Это делает растение перспективным для дальнейшего химико-фармацевтического изучения, в том числе с целью выделения новых соединений и оценки их биологической активности.

Исследование влияния спектрального состава света на морфофизиологические реакции волдырника ягодного проводили в условиях лаборатории искусственного климата

и на кафедре физиологии растений РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева. Посевной материал – семена волдырника ягодного *Cucubálus báccifer* L. стратифицировались в холоде, в растворе гиббереллина, на протяжении дней.

Опытные растения выращивались в контролируемых условиях, на вегетационных столах со светодиодными светильниками. Температура в помещении 22-24 °С.

Фотопериод в вариантах 18 часов.

В опыте использовались шесть разных по спектральному составу светодиодных облучателей:

Спектральный режим варианта 1 плотность потока фотонов PPFD=118 мкмоль/м²/с; К/З/С- 50/25/25; Спектральный режим варианта 2 плотность потока фотонов PPFD= 217 мкмоль/м²/с; К/З/С — 37/26/37; Спектральный режим варианта 4 (полный спектр, приближен к естественному) плотность потока фотонов PPFD=168,4 мкмоль/м²/с; К/З/С — 63/16/21; Спектральный режим варианта 5 плотность потока фотонов PPFD= 136 мкмоль/м²/с; К/З/С — 40/30/23; Спектральный режим варианта 6 (монохромный синий) плотность потока фотонов PPFD=60,85 мкмоль/м²/с; длина волны 460 нм.; Спектральный режим варианта 7 (монохромный красный), плотность потока фотонов PPFD=120,6 мкмоль/м²/с; длина волны 660 нм.

Количественное определение фенольных соединений проводилось по методике практикума за авторством О.Б. Поливановой и М.Ю. Чередниченко (2020 г.) Анализ начинается с выделения экстракта. Около 0,5 г растительного материала измельчить в ступке с 2 мл 96% подогретого до 50 °С спирта и перетирать в течение 5 минут при помощи пестика и ступки, долить 20мл спирта. Экстракцию гомогенизированного материала проводить при комнатной температуре в течение 48 часов, затем очистить центрифугированием при 13 000 оборотах в минуту в течение 5 минут. Экстракт перенести в чистые пробирки.

Далее экстракт подготавливается к анализу. В пустую пробирку наливается 3 мл дистиллированной воды, затем добавляется 0,25 мл экстракта и 0,25 мл реактива Фолина-Дениса. Спустя 3 минуты в пробирку приливается 0,5 мл насыщенного раствора соды, 1 мл дистиллированной воды и выдерживается в течение 2 часов. Затем измерить оптическую плотность на спектрофотометре при длине волны 725 нм в кварцевой кювете с толщиной слоя 10 мм. В качестве раствора сравнения используется стандартный раствор галловой кислоты.

После получения и расчета всех запланированных данных их математическую обработку проводили по стандартным методикам с использованием статистических функций приложения Microsoft Office Excel. В таблицах и на графиках приведены средние и стандартные отклонения.

Анализ на содержание фенольных соединений в растении – один из основных анализов, который позволит нам сделать выводы об оптимальном освещении для повышения лекарственной продуктивности растения. Измерения проводились с помощью

спектрофотометра на 90 день вегетации. Полученные данные выглядят следующим образом(цифровой индекс-вариант освещения, через дефис-концентрация ФС растения мг/г)

1 - 1,78; 2 -1,64; 4 - 1,83; 5 - 2,02; 6 — 3,6; 7 -1,85

Содержание фенольных соединений в волдырнике, выросшем в монохромном синем (6) варианте освещения выше на 50% чем в контрольном (4).

Библиографический список

1. Awuchi C.G. Medicinal Plants: The Medical, Food, and Nutritional Biochemistry and Uses. International Journal of Advanced Academic Research, 2019.
2. Chen, Y., Yang, L., Yue, J.M. Nor-sesquiterpenes from *Cucubalus baccifer*. // Journal of Natural Products. – 2012. – Vol. 65(5). – P. 699–702. DOI: 10.1021/np0104102.

АНАЛИЗ МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И БИОХИМИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ В УСЛОВИЯХ АБИОТИЧЕСКОГО СТРЕССА

Мамиргова М.М., Гладкевич В.О.

**Учреждение образования «Национальный детский технопарк» (НДТП), 220076,
г. Минск, ул. Франциска Скорины, 25 к.3, technopark@ndtp.by**

Повышение устойчивости сельскохозяйственных растений к абиотическим стрессам, таким как засоление и загрязнение тяжелыми металлами, является актуальной задачей в условиях глобального изменения климата. Целью работы была сравнительная характеристика морфометрических и биохимических показателей *Arabidopsis thaliana* (эколиния WS-0), *Pisum arvense* (сорт Армеец) и *Triticum aestivum* (сорт Элегия) в условиях стресса, индуцированного NaCl (50-200 мМ) и NiCl₂ (0,1-3 мМ).

Исследование включало ростовые тесты *in vitro*, методику замены питательной среды на 5-е сутки культивирования, флуоресцентный имиджинг для детекции активных форм кислорода (АФК) с зондом дигидроэтидиум, спектрофотометрический анализ фотосинтетических пигментов и оценку генотоксичности методом ДНК-комет.

Установлено, что оба стресс-фактора дозозависимо подавляли рост корневой системы всех исследуемых видов. Наибольшую чувствительность проявила *A. thaliana*: длина корней снижалась в 122 и 175 раз при воздействии 200 мМ NaCl и 3 мМ NiCl₂ соответственно. При использовании методики замены среды негативное влияние на рост было менее выраженным, что указывает на критическую роль ранних стадий развития в формировании стрессоустойчивости.

Флуоресцентный анализ показал, что NaCl и NiCl₂ индуцируют окислительный стресс, увеличивая генерацию АФК в клетках корня *A. thaliana*. При этом NaCl в большей степени активировал синтез АФК в апикальной меристеме (зона деления), а NiCl₂ – в зоне растяжения (зона всасывания). Максимальное увеличение флуоресценции наблюдалось при воздействии 200 мМ NaCl (в 4,6 раза в кончиках корней и в 6 раз в зоне всасывания).

Спектрофотометрический анализ листьев *P. arvense* выявил снижение содержания хлорофилла а с ростом концентрации NiCl₂ (до 60% при 3 мМ), в то время как содержание хлорофилла b оставалось относительно стабильным. При низких уровнях стресса (50 мМ NaCl и 0,1 мМ NiCl₂) отмечено увеличение концентрации каротиноидов на 20% и 40% соответственно, что может свидетельствовать об их участии в антиоксидантной защите.

Оба исследуемых агента проявляли генотоксический эффект. Метод ДНК-комет показал дозозависимое увеличение фрагментации ДНК в клетках корня *A. thaliana*. Максимальный уровень повреждений зафиксирован при воздействии 200 мМ NaCl (34% ДНК в хвосте кометы), тогда как 3 мМ NiCl₂ вызывали увеличение до 24%.

Таким образом, снижение ростовых показателей, индукция окислительного стресса, изменение содержания фотосинтетических пигментов и повреждение ДНК являются надежными маркерами для оценки воздействия засоления и никелевого стресса на высшие растения. Полученные данные могут быть использованы для скрининга устойчивых форм сельскохозяйственных культур.

Список литературы:

1. Злотников А.К. Разработка и комплексная характеристика полифункционального препарата Альбит для защиты растений от болезней и стрессов [автореферат диссертации]. Москва: [б. н.]; 2012. 47 с.
2. Якушкина Н.И. Физиология растений: Учебник / Н.И. Якушкина, Е.Ю. Бахтенко. – Вологда: ВЛАДОС, 2004. – 463 с.
3. Судник А.В., Вознячук И.П. Последствия воздействия загрязнения придорожных территорий компонентами солевых реагентов на экологическое состояние почвы и растений в лесных биогеоценозах // Лесной вестник / Forestry Bulletin. – 2020. – Т. 24, № 6. – С. 83-95.
4. Причины засоления и современное почвенно-экологическое состояние орошаемых земель низовьев Амударьи / М.И. Рузметов [и др.] // Научное обозрение. Биологические науки. – 2019. – № 3. – С. 37-41.
5. Экологические основы ведения сельскохозяйственного производства / Е.Б. Лосевич [и др.] – Гродно: Гродн. гос. ун-т, БГСХА, 20 с.
6. Метод биологической рекультивации территорий с высокой засоленностью почв на основе энергетических плантаций древесных растений: сб. науч. ст. / Минский гос. ун-т; редкол.: О.И. Родькин (гл. ред.) [и др.]. – Минск: БНТУ, год. – 412 с.
7. Добровольский В.В. Основы биогеохимии. – М.: Высшая школа, 1998. – 413 с.

8. Техногенное засоление почвы при переработке полезных ископаемых [Электронный ресурс] // Национальный правовой Интернет-портал Республики Беларусь. – Режим доступа: <https://www.nsmos.by/content/164.html>. – Дата доступа: 14.02.2023.
9. Nabashi F. Gmelin and his Handbuch // Bull. Hist. Chem. – 2009. – V. 34, N 1. – P. 30–31.
10. Ильин В.Б. Тяжелые металлы в системе почва – растение. – Новосибирск: Наука, 1991. – 150 с.
11. Кабата-Пендиас А., Пендиас Х. Микроэлементы в почвах и растениях. – М.: Мир, 1989. – 440 с.
12. Wierzbicka M. Lead accumulation and its translocation in roots of *Allium cepa* L. – autoradiographic and ultrastructural studies // Plant Cell Environ. – 1987. – V. 10. – P. 17–26.
13. Wierzbicka M. Lead in apoplast of *Allium cepa* L. root tips – ultrastructural studies // Plant Sci. – 1998. – V. 133. – P. 105–119.
14. Gussarsson et al., Costa G., Morel J.L. Cadmium uptake by *Lupinus albus* (L.): cadmium excretion, a possible mechanism of cadmium tolerance // J. Plant Nutr. – 1993. – V. 16. – P. 1921–1929.
15. Metwally A., Safronova V.I., Belimov A.A., Dietz K.J. Genotypic variation of response to cadmium toxicity in *Pisum sativum* L. // J. Exp. Bot. – 2005. – V. 56, N 409. – P. 167–178.
16. Яблоков А.В. Россия: здоровье природы и людей. – М.: Галерея-принт, 2007. – 224 с.
17. Алексеев Ю.В. Тяжелые металлы в агроландшафте. – СПб.: ПИЯФ РАН, 2008. – 216 с.
18. Nazar R., et al. ... // Environ Sci Pollut Res. – 2019. – Vol. 26. – P. ... – URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11356-019-04892-x>
19. Сайфитдинова А.Ф. Двумерная флуоресцентная микроскопия для анализа биологических образцов: Учебно-методическое пособие. – Санкт-Петербург: СОЛО, 2008. – 3 с.
20. Шапошников М.Н. Фотоактивируемые флуоресцентные красители для микроскопии биологических объектов: автореф. дис. ... канд. биол. наук: 03.01.04. – Москва: МГАВМиБ, 2004. – 3 с.
21. Каталог сортов и гибридов сельскохозяйственных растений: справочное издание / ответ. за выпуск А.П. Гвоздов. – Минск: ИВЦ Минфина, 2022. – 31 с.
22. Single cell gel electrophoresis: Detection of DNA damage at different levels of sensitivity / Angelis K.J. [et al.] // Electrophoresis. – 1999. – V. 20. – P. 2133–2138.

ОСОБЕННОСТИ МЕТАБОЛИЗМА МИКРОВОДОРОСЛЕЙ СЕМЕЙСТВА *SYMBIODINACEAE* И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В АДАПТИВНОМ ЗЕМЛЕДЕЛИИ

Миронова В. В.¹, Авакумов А. Д.¹

***1 – ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени
К. А. Тимирязева (ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА им. К. А. Тимирязева), 127737, г. Москва,
ул. Тимирязевская, 49; E-mail: mironovaviktoria1605@gmail.com***

Современное сельское хозяйство сталкивается с вызовами, связанными с изменением климата, что требует разработки инновационных подходов для повышения
ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

устойчивости культур. Одним из перспективных направлений является поиск новых решений среди морских микроорганизмов, обладающих уникальными адаптациями к экстремальным условиям — одноклеточных водорослей семейства *Symbiodiniaceae*. Оно состоит из 7 родов [1] и представляет собой эндосимбионтов беспозвоночных (кораллов, анемонов, губок, медуз, моллюсков, плоских червей и др.) [2].

Биотехнологический потенциал данного семейства обусловлен высокой эффективностью фотосинтеза в условиях крайне ограниченной освещённости: в тканях хозяина и на глубине до 150 метров [3]. В процессе эволюции *Symbiodiniaceae* выработали несколько адаптационных механизмов для выживания в условиях низкой освещенности: использование уникальных светособирающих комплексов PCP (Peridinin-Chlorophyll-a-Binding Proteins) которые исключительно эффективно улавливают синий и зелёный свет, преобладающий на глубине [4], [5]. Также для *Symbiodiniaceae* характерен механизм динамического изменения фотосинтетической единицы (PSU): при низкой освещённости в клетках увеличивается количество и размер фотосинтетических единиц, а вследствие этого производится больше светособирающих пигментов и рекреационных центров на клетку, т. е. создаётся «большая антенна» для улавливания каждого доступного фотона, что максимизирует использование скудного светового потока [6]. В дополнение к этим двум механизмам, *Symbiodiniaceae* способны изменять соотношение пигментов для оптимизации поглощения именно того спектра света, который доступен в их конкретной микросреде обитания [7]. Молекулярные механизмы, лежащие в основе этой эффективности, открывают путь к биоинженерии сельскохозяйственных культур. Перенос генов, кодирующих ключевые компоненты PCP-комплексов или регуляторы размера PSU, может позволить создать сорта, устойчивые к дефициту света, что позволит снизить энергетические и финансовые затраты на досвечивание.

Другим важным и актуальным аспектом является устойчивость растений от теплового стресса. Тепловой стресс нарушает фотосинтез и репродуктивные функции, усиливает транспирацию и воздействие других стрессовых факторов [8]. Многие представители *Symbiodiniaceae* продуцируют микроспорин-подобные аминокислоты (MAA) — соединения с УФ-поглощающими и антиоксидантными свойствами, которые обеспечивают устойчивость симбиоза в условиях повышенных температур и инсоляции [9], [10]. Таким образом, метаболиты данных водорослей являются перспективными источниками для создания новых регуляторов роста, способных повысить устойчивость культур к абиотическим стрессам. Более того, существует успешный опыт лабораторного их культивирования для целей реабилитации коралловых рифов [11]. Эти же технологии могут быть адаптированы для промышленного выращивания водорослей *Symbiodiniaceae* и получения их метаболитов, если будет доказана их эффективность для сельскохозяйственных нужд. Также у *Symbiodiniaceae* существует механизм нефотохимического тушения (NPQ), который рассеивает избыточную энергию света в виде тепла [12] и также может быть использован в биотехнологиях.

Проведённый анализ показывает, что микроводоросли семейства *Symbiodiniaceae* представляют собой ценный и уже достаточно хорошо изученный ресурс для разработки новых агробиотехнологий в сфере адаптивного земледелия. Два основных вектора их

применения — заимствование механизмов эффективного фотосинтеза для биоинженерии и использование их метаболитов (МАО) в качестве основы для новых биостимуляторов. Таким образом, сложившийся научный фундамент позволяет целенаправленно перейти от теоретического изучения к прикладным разработкам, создавая инновационные решения для повышения продуктивности и устойчивости растениеводства в условиях изменяющегося климата.

Список литературы:

1. Systematic revision of Symbiodiniaceae highlights the antiquity and diversity of coral endosymbionts / C. L. Todd, E. P. John, W. G. Paul [и др.]. — Текст : непосредственный // *Current biology*. — 2018. — № 28 (16). — С. 2570-2580.
2. Levinton Marine biology : function, biodiversity, ecology / Levinton, S. Jeffrey. — 4-е изд. — New York : New York : Oxford University Press, 2014. — 577 с. — Текст : непосредственный.
3. Diverse and ecologically unique mesophotic coral ecosystems in the central Indian Ocean / C. Diaz, K. L. Howell, P. Hosegood [и др.]. — Текст : непосредственный // *Coral Reefs*. — 2024. — № 43. — С. 1259–1270.
4. Schlichter, D. Mechanisms of amplification of photosynthetically active radiation in the symbiotic deep-water coral *Leptoseris fragilis* / D. Schlichter, H. W. Fricke. — Текст : непосредственный // *Hydrobiologia*. — 1991. — № 216. — С. 389–394.
5. Photobiology of Symbiodinium revisited: bio-physical and bio-optical signatures / S. J. Hennige, D. J. Suggett, M. E. Warner [и др.]. — Текст : непосредственный // *Coral Reefs*. — 2009. — № 28. — С. 179–195.
6. Roberto, Iglesias-Prieto' Acclimation and adaptation to irradiance in symbiotic dinoflagellates. I. Responses of the photosynthetic unit to changes in photon flux density / Iglesias-Prieto' Roberto, K. T. Robert. — Текст : непосредственный // *Marine Ecology Progress Series*. — 1994. — № 113. — С. 163-175.
7. Paul, G. F. Light-shade adaptation of *Stylophora pistillata*, a hermatypic coral from the Gulf of Eilat. / G. F. Paul. — Текст : непосредственный // *Nature*. — 1981. — № 289. — С. 172-174.
8. The impact of heat stress in plant reproduction / Resentini Francesca, Orozco-Arroyo Gregorio, Cucinotta Mara, A. M. Marta. — Текст : непосредственный // *Front Plant Sci*. — 2023. — № 14. — С. 1-12.
9. The distribution of mycosporine-like amino acids (MAAs) and the phylogenetic identity of symbiotic dinoflagellates in cnidarian hosts from the Mexican Caribbean / Banaszak Anastazia, Barba-Santos María-Guadalupe, C. L. Todd, P. L. Michael. — Текст : непосредственный // *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*. — 2006. — № 337. — С. 131-146.
10. Eiichi, Shoguchi Gene clusters for biosynthesis of mycosporine-like amino acids in dinoflagellate nuclear genomes: Possible recent horizontal gene transfer between species of Symbiodiniaceae (Dinophyceae) / Shoguchi Eiichi. — Текст : непосредственный // *Journal of Phycology*. — 2021. — № 58. — С. 1-11.

11. Heat-evolved microalgal symbionts increase coral bleaching tolerance / P. Buerger, C. Alvarez-Roa, C. W. Coppin [и др.]. — Текст : непосредственный // Science Advances. — 2020. — № 6 (20). — С. 1-8.
12. Melissa, S. R. The engine of the reef: Photobiology of the coral-algal symbiosis / S. R. Melissa. — Текст : непосредственный // Frontiers in Microbiology. — 2014. — № 5. — С. 1-22.

РАЗРАБОТКА ПРОТОКОЛА ЭМБРИОКУЛЬТУРЫ ПОДСОЛНЕЧНИКА ДЛЯ ЦЕЛЕЙ СПИДБРИДИНГА

**Муратов Т.Р., Радзениец С., Мохов Т.Д., Меглицкая Я.С., Самарина М.А.,
Блинков А.О., Дивашук М.Г.**

**ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва, 127550;
E-mail: temur-muratov@mail.ru**

Спидбридинг – это один из перспективных методов ускоренного создания чистых линий, основанный на использовании подобранных условий выращивания, инициирующих быстрый переход к генеративной стадии развития у растений. Одними из важнейших параметров спидбридинга являются температура, фотопериод, спектральный состав и интенсивность света, минеральное питание и др. В связи с недавним появлением данного метода, отработанные протоколы спидбридинга имеются у ограниченного количества культур, среди которых мягкая и твердая пшеница, соя, ячмень, нут, горох и др [1]. Однако до сих пор нет высокоэффективного протокола спидбридинга подсолнечника (*Helianthus annuus* L.) – одной из важнейших масличных культур не только в России, но и во всём мире.

В данный момент нами ведётся работа по разработке и апробации протокола спидбридинга подсолнечника [2]. Одним из этапов, позволяющих значительно сократить период созревания и преодолеть послеуборочный покой семян сроки – использование эмбриокультуры. В ходе экспериментов, а также опираясь на имеющуюся литературу [3], оптимальным для сбора семян подсолнечника оказался срок в 14-15 суток после опыления. Распускание бутонов в пределах одной корзинки асинхронное, цветение идёт от периферии к центру, поэтому для эмбриокультуры использовали семена из краевых рядков соцветия. При сборе семян предпочтение отдавали выполненным, с потемневшим перикарпием. Сбор семян из корзинки проводили с использованием пинцетов, отобранные семена помещали в индивидуальные чашки Петри. Дальнейшие манипуляции проводили в асептических условиях. Семена подвергали поверхностной стерилизации в 50% растворе коммерческого средства «Белизна» с добавлением нескольких капель «Tween 20» в течение 15 минут. Стаканы, содержащие раствор Белизны с семенами подсолнечника для увеличения эффективности стерилизации помещали на вращающийся шейкер. При использовании меньшего времени стерилизации (до 15 минут), в культуре *in vitro* наблюдалась контаминация. При экспозиции 20 минут, наблюдалось негативное влияние на последующий рост зародышей. По истечении описанного времени семена промывали 3 раза стерильной дистиллированной водой по 5 минут. Из простерилизованных семян, путем разрезания

перикарпия и снятия эндосперма, извлекали зародыш и помещали его в чашки Петри, содержащие безгормональную агаризованную среду по прописи Murashige and Skoog. Зародыши помещали зачаточным корешком в питательную среду, заглубляли зародыш в среду на 1/3. При изолировании зародышей необходимо минимизировать повреждение семядолей и зачатого корешка, поскольку это негативно влияет на последующий рост в культуре *in vitro*. Изолирование зародышей рекомендуется проводить в чашках Петри с небольшим добавлением стерильной дистиллированной воды. Рост зародышей наблюдался уже на 2-3 сутки с начала культивирования, спустя около 14 суток растения имеют хорошо сформированные семядоли, первую пару листьев, развитые стебель и корни. В данный период возможно в асептических условиях отбирать от сформировавшихся растений часть листьев для выделения ДНК, последующего анализа с использованием молекулярных маркеров и отбора генотипов с интересующим аллельным составом генов. На 10 сутки с момента введения зародышей в культуру *in vitro*, растения готовы к высадке в торф. Адаптацию растений осуществляем в климатических камерах с интенсивностью света не более 300 мкмоль/м²/с, фотопериодом 16 ч день/8 ч ночь, температуре 25° и влажности воздуха 60%. Все растения, имеющие хорошо развитую корневую систему и сформировавшиеся листья, были адаптированы с частотой 100%.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственного задания FGUM-2024-0002.

Список литературы:

1. Blinkov, A., Kroupin, P., Dmitrieva, A., Kocheshkova, A. A., Karlov, G., Divashuk, M. Speed breeding: protocols, application and achievements. 2025. 16:1680955.
2. Муратов Т.Р., Самарина М.А., Канунникова В.Ю., Баженов М.С., Лаппо А.А., Блинков А.О., Дивашук М.Г. Разработка методологии спидбридинга подсолнечника. 2025. 146.
3. Onișan, E., Botău, D., Petrescu, I., Sărac, I. *In vitro* and *in vivo* embryo rescue involvement in the economy of sunflower breeding 2023. 27:12-19.

СИСТЕМАТИЗАЦИЯ МНОГОКЛЕТОЧНЫХ СТРУКТУР, ФОРМИРУЮЩИХСЯ ВО ФЛОТИРУЮЩЕЙ КУЛЬТУРЕ ПЫЛЬНИКОВ ТРИТИКАЛЕ И ОЦЕНКА ИХ МОРФОГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА

**Нагамова В.М.¹, Бизякина Д.О.¹, Федорова Т.А.², Табуйка А.А.³, Панченко В.В.⁴,
Блинков А.О.¹, Дивашук М.Г.¹**

**1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550**

2 – Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова (МГУ им. М.В. Ломоносова), Москва 119991

3 – Московский политехнический университет, Москва 107023

4 – ФГБНУ Национальный центр зерна имени П. П. Лукьяненко, Краснодар 350012

Метод флотрующей культуры осуществляется изолированием *in vitro* и посадкой пыльников на жидкую питательную среду, в последствии растрескивания пыльников происходит высвобождение микроспор в среду и их дальнейшее культивирование. Известно, что к факторам, способствующим получению высокого процента регенерации зеленых растений тритикале, полученных культивированием пыльников, относятся условия выращивания донорных растений, стадия микроспор во время срезки колосьев, стрессовая предобработка колосков, питательные среды и условия культивирования. Однако ранее не было описано различия в морфологии многоклеточных структур, а также не производился анализ морфогенетического потенциала данных структур [1].

В связи с этим **целью** данной работы стало провести сравнительную оценку эффективности культивирования различных типов многоклеточных структур тритикале и получения зеленых растений.

В данном исследовании донорными растениями были перспективные сорта Орден и Явор из коллекции яровой тритикале Национального центра зерна имени П. Лукьяненко. Колоски обоих генотипов подвергали стерилизации 50% раствором коммерческого препарата «Белизна» в течение 15 минут с последующей трехкратной пятиминутной промывкой стерильной дистиллированной водой. Во время стерилизации и трёх этапов промывки колбы с колосками помещали на шейкер. В качестве индукционной среды использовали неагаризованную 190-2 с добавлением 100 г/л фикола (полисахарозы 400). Всего было пересажено в жидкую среду 3600 пыльников: 60 чашек с 30 пыльниками каждого генотипа. Чашки Петри помещали в климатический шкаф, отрегулируемый в первые трое суток культивирования на 32°C, далее на 28°C. Через 30 дней культивирования был произведён учёт количества сформировавшихся зародышей, полиэмбриоидов, зародышеподобных структур и каллуса при помощи бинокулярного микроскопа. Затем многоклеточные структуры были посажены на агаризованную среду для регенерации 190-2, содержащую 1-нафталинуксусную кислоту (НУК) и кинетин в концентрации 0,5 мг/л. Зародыши, полиэмбриоиды и зародышеподобные структуры сажали щитком вниз, так чтобы вся его площадь касалась питательной среды. Культивирование многоклеточных структур производили под непрерывным освещением световой комнаты при температуре 24±1°C. Полученные зелёные растения-регенеранты отмывали от агара и высаживали в гидропонику с раствором KNOP. Пloidность полученных растений проверяли с использованием проточного цитофлюориметра (CyFlow Space Sysmex, Germany). Гаплоидные растения подвергали обработке раствором колхицина, затем высаживали вместе со спонтанно удвоенными растениями тритикале в торф.

Благодаря проведению сканирующей электронной микроскопии чашек Петри с культивируемыми пыльниками были выявлены различные формирующиеся многоклеточные структуры, которые мы разделили на 4 типа: 1) истинные зародыши полностью напоминают по своему строению зиготические зародыши, у них чётко

выражены колеоптиль, колеориза и щиток; 2) полиэмбриониды – зародыши, у которых наблюдается 2 или более колеоптиля; 3) зародышеподобные структуры – образования, имеющие морфогенные структуры, но с трудноразличимыми органами; 4) каллус представляет собой бесформенные многоклеточные структуры.

В конечном итоге, было получено в среднем на чашку Петри 6,9 и 7,4 зародышей, 1,5 и 2 полиэмбрионидов, 10,6 и 11 зародышеподобных структур, а также 10,8 и 5,8 каллусов сортов Явор и Орден, соответственно. Регенерация зелёных растений составляла 3,7% и 23,4% из зародышей, 1,2% и 14,4% из полиэмбрионидов, 0,78% и 6,4% из зародышеподобных структур для сортов Явор и Орден, соответственно. При культивировании каллусов, сформированных из пыльников сорта Явор, не было получено зелёных растений. Орден также показал незначительный процент регенерации из каллуса, он составлял 0,8%.

Таким образом, из наблюдаемых многоклеточных структур наибольшей результативностью в получении зелёных растений-регенерантов обладали истинные зародыши. Однако чаще всего многоклеточные структуры, формирующиеся при культивировании пыльников, развиваются как зародышеподобные структуры. Наименьший морфогенетический потенциал наблюдался у каллуса на обоих генотипах, процент как зелёных растений, так альбиносов был значительно меньше, чем во всех остальных вариантах.

Данная работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Федеральная научно-техническая программа развития генетических технологий на 2019-2030 годы, соглашение № 075-15-2025-528 от 29 мая 2025 года).

Список литературы:

1. Ma J. et al. Effects of the duration of a low-temperature pretreatment and hormone concentrations on anther cultures and the regeneration of awnless triticales. – 2024. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-4608942/v1>

EVALUATION OF *IN VITRO* PHOSPHATE SOLUBILIZATION BY THE ENDOPHYTIC BACTERIAL STRAIN *Bacillus subtilis* CrEw1018

M.T.Norboyev*, Z.F.Ismailov

Biochemistry institute, Samarkand State University named Sharof Rashidov, 140104, Samarkand, Uzbekistan. e-mail: mukhammad.n97@mail.ru

Abstract. Phosphorus is one of the essential nutrients for plant growth. Most of the phosphorus in the soil is present in the form of phosphate, and the solubilization of inorganic phosphate is an important process by plant-associated bacteria and fungi to stimulate plant growth. Endophytic bacteria live inside the plant and help provide nutrients to the plant. In this study, we evaluated the phosphate-degrading ability of a collection of endophytic bacterial strains. This revealed that the plant, treated with bacterial suspensions in vegetative and field experiments, could participate in the assimilation of organic and inorganic phosphorus in the soil. These investigations indicate the important role of endophytes in the assimilation of phosphorus by the plant.

Key words. Endophytic bacteria, phosphorus, pikovskaya nutrient (PVK), plant.

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

Introduction. Phosphorus (P) is an essential macronutrient, and depending on its availability, P limits plant growth due to its structural, functional, and metabolic properties. It occurs in soils in both organic and inorganic forms [1]. Despite the large reserves of phosphorus in agricultural lands, its availability to plants is strongly influenced by various biogeochemical processes that affect this element [2]. Due to the importance and cost of phosphorus for plants, the search for alternative methods to optimize its production is a priority in agricultural systems. In recent years, the use of endophytic microorganisms in agriculture has increased. Such microbes promote plant growth and facilitate the control of biological pests and phytopathogens, as well as the production of metabolites that are important for pharmaceuticals [3]. Several soil microorganisms, including bacteria and fungi, mineralize organic phosphates and solubilize inorganic phosphates. Phosphate solubility can be achieved by several mechanisms, such as hydrolysis or processes involving enzymes such as phosphatases. Phosphatases produce organic and inorganic acids by lowering pH, producing carbon dioxide, and enzymatic reduction of metals [4]. In order to promote sustainable agriculture, research has been conducted to select bacteria that can solubilize and mineralize soil phosphorus. This is a global trend that seeks to reduce the use of chemical fertilizers and contribute to the development of an ecologically balanced agricultural environment. The choice of microorganisms as phosphorus solubilizers depends on both the soil of origin and the intended use. Our biological and chemical understanding of this nutrient in the soil indicates which phosphate sources should be tested simultaneously to determine the potential of microorganisms to make phosphorus available in the soil.

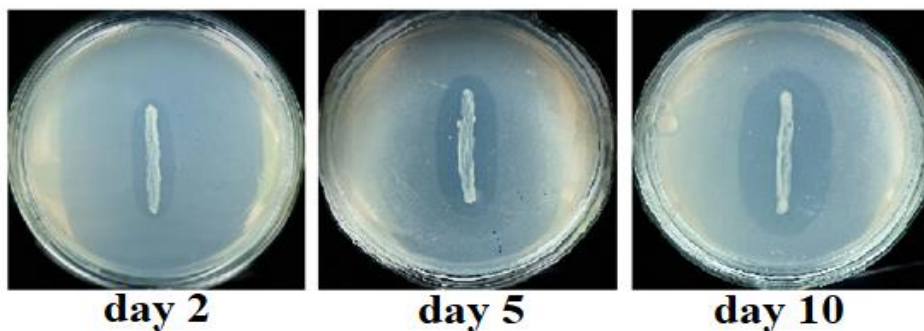
Materiallar va usullar

2.1. *Sample collection.* In this study, the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018, which is stored in the collection of the Laboratory of Molecular Biotechnology of Samarkand State University named after Sharof Rashidov, was used.

2.2 To assess the phosphate degradation ability of the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018, Pikovskaya (PVK) agar medium was used in vitro.

Composition of Pikovskaya (PVK) solid nutrient medium: Glucose - 12.0 g; Calcium phosphate ($\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$) - 5.0 g; Ammonium sulfate ($(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$) - 0.5 g; Magnesium sulfate ($\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$) - 0.3 g; Manganese sulfate (MnSO_4) - 0.03 g; Ferrous sulfate ($\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$) - 0.03 g; Agar - 15.0 g; Distilled water - 1 liter; pH 7.0. The nutrient medium was sterilized in an autoclave at 121°C for 15 minutes [6].

Results. In the conducted research, the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018 was inoculated onto a solid medium containing PVK agar and incubated at 28–30°C for 10 days.



Pic 1. Phosphate degradation by the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018

As can be seen in Pic 1, the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018 showed a high phosphate degradation rate between the first 2 days and the last 10 days. The phosphate degradation index was 11.28 ± 0.34 on the 2nd day, 24.66 ± 1.79 on the 5th day, and 33.96 ± 1.31 on the 10th day, respectively. It can be seen that the endophytic bacterial strain *Pseudomonas putida* KoPr129 has a high phosphate degradation rate. In vegetative and field experiments, we can see that the treatment of plants with a suspension of the endophytic bacterial strain *Bacillus subtilis* CrEw1018 has practical significance in the plant's absorption of phosphate in the soil.

Conclusion. Nowadays, the use of many chemical preparations leads to the deterioration of the soil structure, making it difficult for plants to absorb phosphorus. In this regard, we have found that the *Bacillus subtilis* CrEw1018 strain is highly effective in the absorption of phosphorus in the soil by endophytic bacteria for plants. The use of this strain will be of great importance in future work.

References.

1. Stauffer md and sulewski g. 2004. Fósforo essencial para a vida In: Fósforo na agricultura brasileira. Piracicaba: Potafós, p. 1-12.
2. Martinazzo r, santos dr, gatiboni lc, brunetto g and kaminski j. 2007. Fósforo microbiano no solo sob sistema plantio direto em resposta à adição de fosfato solúvel. Rev Bras Cienc Solo 31: 563-570.
3. Azevedo jl, maccheroni júnior w, pereira jo and araujo wl. 2000. Endophytic microorganisms: a review on insect control and recent advances on tropical plants. Electron J Biotechn 3: 40-65.
4. Barroso cb and nahas e. 2008. Solubilização do fosfato de ferro em meio de cultura. Pesq Agropec Bras 43: 529-535.
5. Bashan y, kamnev aa and de bashan le. 2013. A proposal for isolating and testing phosphate-solubilizing bacteria that enhance plant growth. Biol Fertil Soils 49: 1-2.
6. Premono ME, Moawad AM, Vlek PLG. 1996. Effect of phosphatesolubilizing *Pseudomonas putida* on the growth of maize and its survival in the rhizosphere. Indones J Crop Sci 11: 13 – 23

**ВЛИЯНИЕ УСЛОВИЙ ЭКСТРАКЦИИ НА АНТИОКСИДАНТНУЮ
АКТИВНОСТЬ *CALENDULA OFFICINALIS* L.**

Ошкин Д.А.¹, Хомяков Ю.В.², Гурова Т.А.^{1,2}

**1 – ФГАОУ ВО «Санкт-Петербургский политехнический университет Петра
Великого» (СПбПУ), 195251, Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Политехническая, д.29;**

E-mail: oshkin.da@edu.spbstu.ru

**2 – ФГБНУ «Агрофизический научно-исследовательский институт» (ФГБНУ АФИ),
195220, Россия, г. Санкт-Петербург, Гражданский просп., 14;**

E-mail: himlabafi@yandex.ru

Современные исследования показывают, что антиоксиданты оказывают большое значение в предотвращении таких человеческих патологий, как сердечно-сосудистые болезни, рак, диабет и нейродегенеративные расстройства [1]. Это объясняется способностью антиоксидантов регулировать окислительный стресс, вызванный избыточным накоплением свободных радикалов в организме в процессе метаболизма, а также в результате воздействия внешних факторов на человека.

Отмечается, что природные антиоксиданты более эффективны за счёт синергического взаимодействия растительных компонентов [2]. Так *Calendula officinalis* L. является хорошо изученным источником таких биологически активных соединений с высокой антиоксидантной активностью (АОА), как каротиноиды, флавоноиды, тритерпеновые сапонины, фенольные кислоты и др.

Благодаря своему богатому фитохимическому составу экстракты цветков *C. officinalis* нашли широкое применение в пищевой промышленности в качестве биологически активных добавок. Также известно использование экстрактов как компонентов косметических и лекарственных средств [3]. Особый интерес вызывает перспектива использования растительного сырья, богатого антиоксидантами, в качестве натуральных консервантов готовых продуктов и полуфабрикатов [4]. Активное использование растительных экстрактов в промышленности обусловило необходимость изучения и стандартизации методов количественной оценки их антиоксидантной активности.

Известно, что от способа экстракции зависит не только концентрация извлечённых веществ, но и степень их сохранности. Большинство существующих исследований сосредоточено на спиртовых и спиртово-водных экстрактах, в то время как АОА водных экстрактов изучена недостаточно. При этом водная экстракция преимущественно извлекает гидрофильные антиоксиданты, которые обладают иным антиоксидантным потенциалом по сравнению с липофильными компонентами спиртовых извлечений.

Таким образом целью данной работы является исследование влияния способа экстракции на антиоксидантную активность цветков *C. officinalis*.

Проводили количественное определение суммарной АОА водных экстрактов цветков *C. officinalis*, полученных из двух видов сырья: аптечный образец измельчённых цветков и измельчённые цветки ноготков, выращенных на севере Ленинградской области.

Для приготовления водных экстрактов 0,2 г высушенных и измельчённых цветков помещали в коническую колбу, добавляли 10 см³ бидистиллированной воды, выдерживали при одинаковой температуре и перемешивании в течение разных периодов времени: 1, 3, 5 и 10 минут. Полученные экстракты разбавляли в соотношении 1:3 и центрифугировали.

Установлено, что наиболее перспективными и конкурентноспособными являются электрохимические методы, в частности амперометрический, что обуславливается высокой скоростью анализа, селективностью и возможностью применения как для гомогенных, так и для гетерогенных систем [5]. Измерение АОА экстрактов проводили на базе анализатора антиоксидантной активности «Маэстро Компакт 04». Градуировку прибора и обработку результатов измерений осуществляли в соответствии с ГОСТ Р 54047-2010.

По полученным результатам содержания антиоксидантов в пересчёте на кверцетин рассчитывали суммарное содержание антиоксидантов (СА) в пробах с учётом разбавления и массы навески. Измерения проводили в трёх повторениях, значения приведены как

средние \pm стандартное отклонение. Так, максимальное содержание антиоксидантов $3,24 \pm 0,23$ мг/дм³ для экстракта, полученного из фармацевтического образца, соответствует максимальному времени выдержки, т.е. 10 минутам. Однако для экстрактов из второго сырья наибольшее значение СА $1,63 \pm 0,11$ мг/дм³ наблюдается при 3 минутах выдержки. Отмечается, что СА экстрактов фармацевтического сырья в среднем превосходит вытяжки другого образца на примерно в 2 раза, что может быть обусловлено агроклиматическими условиями и особенностями хранения сырья. Установлено, что разность значений СА в образцах разного времени экстракции не превышает 0,22 мг/дм³ и 0,13 мг/дм³ для первого и второго сырья соответственно.

В следующем этапе работы были проведены исследования влияния температуры на СА полученных экстрактов. Экстракцию цветков аптечного образца проводили водной вытяжкой в течение 10 минут при температурах 90, 60 и 25 °С. При этом максимальное значение СА $2,98 \pm 0,21$ мг/дм³ соответствует 90 °С, минимальное $2,02 \pm 0,14$ мг/дм³ отмечено при наименьшей температуре 25 °С. Таким образом, наблюдается увеличение диапазона значений, что может свидетельствовать о возрастании влияния температуры на СА, однако предположение требует статистической проверки.

Таким образом, можно сделать вывод, что АОА водных экстрактов *Calendula officinalis* L. зависит от условий экстракции, в частности от времени и температуры процесса. Вклад температуры имеет большее влияние в значение СА в сравнении с временем вытяжки. Повышение температуры экстракции до 90 °С способствует увеличению антиоксидантной активности, что связано с более эффективным извлечением гидрофильных антиоксидантов. Амперометрический метод показал высокую чувствительность и воспроизводимость результатов, подтверждая его перспективность для экспрессной оценки антиоксидантного потенциала растительных экстрактов.

Список литературы:

1. Hadi P., Markad P. The role of antioxidants in disease prevention: A review. International Journal of Health Sciences. 2023. 6(S8). 7023–7031.
2. Oktar C., Boğa İnaltekin B., Kondolot Solak E. Unlocking the Antioxidant Potential of Calendula Officinalis: A Comparative Study of Extraction Methods. Hacettepe Journal of Biology and Chemistry. 2024. 52(4). 253-260.
3. Евсеева С.Б., Сысуев Б.Б. Экстракты растительного сырья как компоненты косметических и наружных лекарственных средств: ассортимент продукции, особенности получения (обзор) // Фармация и фармакология. 2016. Т. 4. № 3 (16). С. 4–37.
4. Еремеева Н.Б., Макарова Н.В. Изучение антиоксидантных свойств лекарственных растений и их влияние на микробную порчу полуфабрикатов мяса, птицы и рыбы // Известия вузов. Прикладная химия и биотехнология. 2021. Т. 11. № 4. С. 590–602.
5. Федина П.А., Латышенко К.П. Приборное и методическое обеспечение определения водо- и жирорастворимых антиоксидантов // Известия МГТУ «МАМИ». 2012. № 2 (14). Т. 2. С. 73-79.

ОЦЕНКА СПОСОБНОСТИ ИЗОЛЯТОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ОРГАНОВ БОРЩЕВИКА СОСНОВСКОГО, СИНТЕЗИРОВАТЬ ИУК

Платонов А.В., Рассохина И.И., Сухарева Л.В., Ерегина С.В.

ФГБУН «Вологодский научный центр Российской академии наук» (ФГБУН ВолНЦ
РАН), Россия, 160014, г. Вологда, ул. Горького, д. 56а, common@volnc.ru

Ключевой путь повышения продуктивности сельскохозяйственных культур – внедрение полифункциональных консорциумов микроорганизмов [1]. Микроорганизмы способны значительно влиять на ростовые процессы и продуктивность растений [2]. Однако практическое применение микробных препаратов в отечественном растениеводстве ограничено, в том числе из-за их низкого ассортимента, что подтверждает актуальность научных исследований в данной сфере [3]. В первую очередь повышать ассортимент микробных препаратов необходимо для регионов, где сельское хозяйство является одним из приоритетных направлений деятельности, однако имеет определенные трудности. Так, в Вологодской области молочное скотоводство является одним из важнейших направлений деятельности региона, однако при ведении сельскохозяйственного производства необходимо учитывать малоблагоприятные природно-климатические и непостоянные погодные условия.

Одним из широко распространенных видов с высокой экологической пластичностью на территории Нечерноземной зоны России является *Heracleum sosnowskyi* Manden. Именно микробиом данного вида был выбран для поиска перспективных для агропроизводства изолятов.

В 2025 году в рамках реализации проекта были осуществлены выезды в отличные сообщества с массовым распространением борщевика Сосновского: окрестности д. Мухиной (Череповецкий район, Вологодская область) и окрестности д. Васильевское (Вологодский округ, Вологодская область). Результатом выделения бактерий из образцов, собранных в рамках двух экспедиций, стало 190 изолятов: 96 эпифитных и 94 эндифитных. Для очистки растительных образцов от эпифитной микрофлоры применяли 70% этиловый спирт и 18,5% перекись водорода. Культивирование выделенных бактерий осуществляли на питательной среде LB по Miller.

Ключевым аспектом физиологического воздействия микробов-симбионтов на высшие растения выступает их способность к биосинтезу широкого спектра фитогормонов, включая ауксины, гиббереллины и цитокинины [4]. Наиболее изученным механизмом в данном контексте является синтез индол-3-уксусной кислоты (ИУК). Её экзогенная секреция микроорганизмами в ризосферу оказывает многоплановое стимулирующее действие на корневую систему растения-хозяина. Попадая в зону корня, микробная ИУК индуцирует процессы растяжения клеток, что непосредственно ускоряет ростовые процессы. Кроме того, под её влиянием происходит интенсивное образование боковых корней и корневых волосков, что приводит к значительному увеличению общей поглотительной поверхности корневой системы. Это, в свою очередь, повышает эффективность усвоения растением воды и элементов питания из почвы [5]. Именно поэтому оценка способности выделенных изолятов синтезировать ИУК является одной из

важных задач проекта. Определение содержания ИУК осуществлялась спектрофотометрическим методом с использованием реактива Сальковского. Суспензионную культуру для анализа получали на триптофансодержащей среде в течении 3-х суток.

Среди изолятов, выделенных в рамках исследования, 86% обнаруживали способность синтезировать индолы, при этом 42% способны к их синтезу в количестве 20 мг/л и выше, 35% – в количестве 30 мг/л и выше, 28% – в количестве 50 мг/л и выше, 14% – в количестве выше 100 мг/л.

В целом, наибольший синтез ИУК был обнаружен у эндофитных бактерий (в среднем 43 мг/л), в культуральной жидкости отдельных изолятов содержание ИУК достигало значений до 130–161 мг/л. Среди органов борщевика бактерии, со способностью синтезировать ИУК в наибольшем количестве, были выделены из плодов (у эпифитных бактерий количество достигало до 143 мг/л, в среднем составляло 48 мг/л, у эндофитных – до 161 мг/л, среднее – 66 мг/л) и листьев (у эпифитных и эндофитных – до 152 мг/л, среднее – 50 мг/л и 40 мг/л соответственно). Эпифитные бактерии корневой системы были способны к синтезу ИУК в количестве до 108 мг/л (в среднем 15 мг/л), эпифитные бактерии из стеблей – до 98 мг/л (в среднем 22 мг/л), эндофитные – до 119 мг/л (в среднем 35 мг/л) и 129 мг/л (в среднем 44 мг/л) соответственно.

С точки зрения способности бактерий синтезировать ИУК в настоящий момент наиболее интересными для агропроизводства были признаны 19 штаммов (синтез в количестве 50 мг/л и выше). Дальнейший вектор исследования будет направлен на поиск среди данных штаммов тех, которые способны наиболее эффективно усваивать молекулярный азот и трансформировать фосфаты кальция в доступную для растений форму.

Исследование выполнено при поддержке гранта Российского научного фонда № 25-26-00204 «Биотехнологические потенциал микробиома *Heracleum sosnowskyi* Manden для агропроизводства Нечерноземной зоны России» (<https://rscf.ru/project/25-26-00204/>).

Литература

1. Maitra S., Brestic M., Bhadra P., Shankar T., Praharaj S., Palai J.B., Rahman Shah M.M., Barek V., Ondrisik P., Skalický M., Hossain A. Bioinoculants-natural biological resources for sustainable plant production. *Microorganisms*. 2022. Vol. 10(1), 51. DOI: 10.3390/microorganisms10010051
2. Максимов И.В., Сингх Б.П., Черепанова Е.А., Бурханова Г.Ф., Хайруллин Р.М. Перспективы применения бактерий–продуцентов липопептидов для защиты растений (обзор). *Прикладная биохимия и микробиология*. 2020. Т. 56. №. 1. С. 19–34. DOI: 10.31857/S0555109920010134
3. Иванов В.А. Стратегия развития сельского хозяйства Европейского Севера России: монография. 2023. 140 с.
4. Gupta R., Anand G., Bar M. Developmental phytohormones: key players in host-microbe interactions. *Journal of Plant Growth Regulation*. 2023. Vol. 42. №. 12. pp. 7330–7351. DOI: 10.1007/s00344-023-11030-y

5. Etesami H., Glick B.R. Bacterial indole-3-acetic acid: A key regulator for plant growth, plant-microbe interactions, and agricultural adaptive resilience. *Microbiological Research*. 2024. Vol. 281. pp. 127602. DOI: 10.1016/j.micres.2024.127602

ИММУНОДЕТЕКЦИЯ В ИССЛЕДОВАНИЯХ: ТРУДНОСТИ И ПУТИ ИХ ПРЕОДОЛЕНИЯ.

Ю.В. Попова^{1,2}, Н.А. Кудрявцева¹, Л.И. Хрусталева^{1,2}

**1 - ФГБНУ “Всероссийский Научно-Исследовательский Институт
Сельскохозяйственной Биотехнологии” (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail:
porovajulianav@gmail.com**

**2 - Центр Молекулярной Биотехнологии, РГАУ-МСХА им. К.А.Тимирязева, Москва
127550; E-mail: khrustaleva@rgau-msha.ru**

Метод иммунодетекции белков широко применяется в цитогенетических и молекулярно-биологических исследованиях, при этом часто возникают технические сложности, затрудняющие получение качественной визуализации целевых белков. Успех иммунодетекции в цитогенетических исследованиях в значительной степени зависит от тщательной оптимизации всех этапов протокола к конкретным объектам исследования. Слабый сигнал или его отсутствие, высокое фоновое свечение, неспецифическое связывание антител и другие факторы создают трудности при постановке экспериментов и их анализе.

Иммунодетекция позволяет визуализировать различные белки *in situ* на биологических препаратах с помощью антител к изучаемым белкам и конъюгированными с ними флуорохромами. Несмотря на широкую доступность коммерческих антител, их применение нередко требует индивидуальной адаптации протоколов для получения специфичных и воспроизводимых результатов иммунодетекции.

Целью данной работы является разработка протокола иммунодетекции позволяющего обеспечить доступ коммерческих антител к целевым белкам и успешной визуализации мейотических белков на препаратах.

Работа была выполнена на пахитенных хромосомах лука репчатого (*Allium. cepa*). Для иммунодетекции ZYP1 белка – центрального элемента синаптонемного комплекса, использовали коммерческие антитела к ZYP1 белку арабидопсиса. Выравнивание последовательности и предсказанной трехмерной структуры ZYP1 арабидопсиса и лука репчатого выявило высокую степень идентичности в области эпитопа. Применение 60% уксусной кислоты с подогревом на термостойке при 60° в течение 1 минуты позволило получить пахитенные хромосомы с хорошим разбросом и прозрачной цитоплазмой. Для лучшей доступности антител к целевому белку стекла с пахитенными хромосомами в цитратном буфере помещали в микроволновую печь, что привело к лучшему доступу антигенных эпитопов ZYP1 для антител и повысило их связывание.

Разработанный нами протокол приготовления препаратов мейотических хромосом и последующей иммунодетекции обеспечил успешную визуализацию белков на препаратах пахитенных хромосом лука репчатого. Данный протокол может быть применен не только для белков синаптонемного комплекса, но и для других целевых белков.

Исследования выполнены при финансовой поддержке РНФ проекта № 24-76-10037.

Список литературы:

1. Chelysheva L. I., Jencova V., Ross K. J., Armstrong S. J. An easy protocol for studying chromatin and recombination protein dynamics during *Arabidopsis thaliana* meiosis: immunodetection of cohesins, histones and MLH1 // *Cytogenetic and Genome Research*. – 2010. – Vol. 129, No. 1-3. – P. 143–152. – DOI: 10.1159/000325995.
2. Kudryavtseva N., Ermolaev A., Khrustaleva L. A method of well-spread pachytene chromosome preparations for plant species with large genomes suitable for the immunolocalization of meiotic proteins // *Methods and Protocols*. – 2025. – Vol. 8, No. 3. – Article 54. – DOI: 10.3390/mps8030054.
3. Kudryavtseva N. N., Ermolaev A. A., Pivovarov A. A., Simanovsky S. V., Odintsov S. S., Khrustaleva L. I. Control of the crossover localization in *Allium* // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2023. – Vol. 24, No. 8. – Article 7066. – DOI: 10.3390/ijms24087066.
4. Piña R., Santos-Díaz A. I., Orta-Salazar E., Aguilar-Vazquez A. R., Mantellero C. A., Acosta-Galeana I., Estrada-Mondragon A., Prior-Gonzalez M., Martinez-Cruz J. I., Rosas-Arellano A. Ten approaches that improve immunostaining: a review of the latest advances for the optimization of immunofluorescence // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2022. – Vol. 23, No. 14. – Article 7538. – DOI: 10.3390/ijms23147538. – PMCID: PMC8836139. – PMID: 35163349.

ОСОБЕННОСТИ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНОЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ СЕМИСУТОЧНЫХ ПРОРОСТКОВ ЯЧМЕНЯ ПОСЛЕ РАЗДЕЛЬНОГО И СОЧЕТАННОГО ДЕЙСТВИЯ γ -ИЗЛУЧЕНИЯ И СВИНЦА

Празян А.А., Смирнова А.С., Битаришвили С.В., Лыченкова М.А., Гераськин С.А.
***Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» - Курчатовский
комплекс радиологии и агроэкологии (КК РАЭ), Обнинск, 249035; E-mail:
prazyana@yahoo.com***

Современные экологические и агротехнологические вызовы требуют глубокого понимания молекулярных механизмов, лежащих в основе адаптации растений к стрессовым факторам. Среди таких факторов особое внимание вызывают ионизирующее излучение и тяжелые металлы, в частности свинец (Pb). Оба агента способны вызывать

окислительный стресс, нарушать клеточный гомеостаз и влиять на экспрессию генов, регулирующих рост, развитие и защитные реакции растений.

Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) — одна из ключевых зерновых культур, обладающая высокой чувствительностью к внешним стрессам, что делает его удобной моделью для изучения молекулярных ответов на повреждающие факторы.

Для оценки экспрессии генов, сразу после облучения семена располагали в рулонах из фильтровальной бумаги и полиэтиленовой пленки по 100 семян в каждом рулоне согласно [ГОСТ 12038–84] и рекомендациям [Бабаян, 1981]. Рулоны сворачивали, ставили в стаканы с дистиллированной водой с добавлением $Pb(NO_3)_2$ или без и помещали в термостат MIR-254 (Sanyo, Япония) при температуре $20\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 0,5\text{ }^{\circ}\text{C}$ без освещения. Образцы корней и побегов отбирали на стадии 7-суточных проростков, помещали в криопробирки и фиксировали в жидком азоте до анализа. Все исследование проводили отдельно в корнях и побегах.

Растительный материал массой 70-90 мг гомогенизировали в жидком азоте с добавлением поливинилпирролидона (Sigma-Aldrich, США). Выделение РНК выполняли с помощью ExtractRNA (Евроген, Россия), с последующим синтезом кДНК (MMLV RT kit (Евроген, Россия) согласно протоколу производителя.

Гены интереса в работе - отвечающие за метаболизм и сигналинг фитогормонов и гены, потенциально вовлеченные в ответ растений на γ -облучение и токсическое действие свинца (*HvAAOI*; *HvILRI*; *HvIAA1*; *HvLOG3*; *HvABA8'OH-2*; *HvNCED1*; *HvPCS*; *HvHMT3*; *HvHMT4*; *AtPDR8-like*; *GSTT3-like*; Hvu-ADP (Референсный ген).

Гены были подобраны на основе анализа литературных источников и транскриптомного исследования проростков ячменя после γ -облучения [Prazyan et al., 2024]. В качестве референсного использовали ген фактора рибозилирования АДФ (*Hvu-ADP*). Праймеры к кандидатным генам были взяты из литературных источников или, в случае выбранных на основе транскриптомного анализа, были разработаны с использованием инструмента Primer BLAST и базы данных National Center for Biotechnology Information (NCBI)

ПЦР в реальном времени проводили на анализаторе ДТ-96 (ДНК-технология, Россия) при следующих условиях термоциклирования: начальная денатурация 5 мин при $95\text{ }^{\circ}\text{C}$, 40 циклов денатурации/отжига/элонгации ($95\text{ }^{\circ}\text{C}$ в течение 15 с, $61\text{ }^{\circ}\text{C}$ в течение 30 с, $70\text{ }^{\circ}\text{C}$ в течение 30 с). Объем реакционной смеси для одной реакции составлял 20 мкл, включая 4 мкл матрицы кДНК, 2 мкл 10 мкМ смеси прямого и обратного праймеров, 4 мкл реакционной смеси qPCRMix-HS SYBR (Евроген, Россия), 10 мкл воды, свободной от нуклеаз. Все реакции ПЦР проводили в двух технических повторностях. Для каждого экспериментального варианта анализировали 4 биологических повторности.

Для расчета относительных изменений экспрессии генов (RQ) использовали модель $\Delta\Delta C_p$ [Pfaffl, 2001]. Значительным изменением экспрессии генов считали двукратное увеличение или уменьшение относительной экспрессии по сравнению с контролем.

Результаты.

В побегах и корнях проростков, после отдельного и сочетанного действия γ -излучения и Pb выявлено повышение транскрипционной активности генов биосинтеза ИУК как *de novo* (*HvAAOI*), так и посредством гидролиза конъюгатов (*HvILRI*). В корнях после отдельного и сочетанного действия γ -излучения и побегах после действия только Pb также

был отмечен рост экспрессии гена раннего ответа на ауксин *HvIAA1*. Экспрессия гена биосинтеза цитокинина (*HvLOG3*) росла, однако в корнях наблюдалось снижение экспрессии. Экспрессия генов метаболизма АБК (*HvNCED1*) указывает на увеличение потенциала биосинтеза АБК в результате раздельного и сочетанного действия факторов при том, что экспрессия гена *HvABA8'OH-2*, кодирующего 8'-гидроксилазу, отвечающую за окислительную деградацию АБК росла только в корнях при сочетанном действии γ -излучения и свинца. Транскрипционная активность гена *HvPCS*, участвующего в детоксикации тяжелых металлов, росла в побегах при раздельном действии обоих факторов, а в корнях при действии свинца как отдельно, так и в сочетании с предварительным γ -облучением. Результаты анализа дифференциальной экспрессии также демонстрируют, что в ответ на исследуемые факторы вовлечены специфические белки транспортеры *HvHMT3*, *HvHMT4*, *AtPDR8-like*. Транскрипционная активность гена *GSTT3-like*, связанного с ферментом антиоксидантной системы глутатион-S-трансферазы Т3 росла в побегах в результате раздельного и сочетанного действия γ -излучения и свинца, в корнях рост был отмечен только после γ -облучения семян.

Таким образом, результаты нашего исследования подчеркивают сложные взаимосвязи в регуляции генов, отвечающих за реакции растений на действие γ -излучения и свинца. Эти данные могут быть полезны для анализа механизмов адаптации растений к неблагоприятным условиям и разработки стратегий повышения их устойчивости.

Список литературы:

1. ГОСТ 12038–84. Семена сельскохозяйственных культур. Методы определения всхожести. – М.: Стандартиформ, 2002. – 28 с.
2. Бабаян, Р. С. Проращивание семян в рулонах из фильтровальной бумаги и полиэтиленовой пленки / Р. С. Бабаян // Сельскохозяйственная биология. – 1981. – № 3. – С. 473–475.
3. Prazyan, A. Comparative analysis of the effect of gamma-, electron, and proton irradiation on transcriptomic profile of *Hordeum vulgare* L. seedlings: in search for molecular contributors to abiotic stress resilience / A. Prazyan, M. Podlutski, P. Volkova [et al.] // Plants. – 2024. – Vol. 13, № 3. – P. 342.
4. Pfaffl, M. W. A new mathematical model for relative quantification in real-time RT–PCR / M. W. Pfaffl // Nucleic Acids Research. – 2001. – Vol. 29, № 9. – P. e45.

ДЕЙСТВИЕ БАКТЕРИЙ РОДОВ *PSEUDOMONAS* И *BACILLUS* НА РОСТ И ПРОДУКТИВНОСТЬ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР В УСЛОВИЯХ ВОЛОГОДСКОЙ ОБЛАСТИ

Рассохина И.И.¹, Платонов А.В.^{1,2}

¹ФГБУН «Вологодский научный центр Российской академии наук» (ФГБУН ВолНЦ РАН), Россия, 160014, г. Вологда, ул. Горького, д. 56а, common@volnc.ru

²ФКОУ ВО «Вологодский институт права и экономики» ФСИН России (ФКОУ ВО ВИПЭ ФСИН России), Россия, 160002, г. Вологда, ул. Щетинина, д. 2, platonov70@yandex.ru

В Нечерноземной зоне Российской Федерации раскрытие генетического потенциала сельскохозяйственных культур лимитируется нестабильными агроклиматическими условиями [1]. С целью повышения продуктивности и устойчивости растений в практике растениеводства широко применяются различные химические средства. Однако, относительно низкий уровень усвоения питательных элементов растениями и негативное воздействие на окружающую среду вызывают необходимость корректировки действующей десятилетиями системы земледелия [2–3]. Альтернативным и экологически безопасным решением выступает использование PGPR-микроорганизмов, позитивно влияющих на продуктивность агроценозов и качество продукции [4]. Микроорганизмы способны значительно влиять на ростовые процессы и продуктивность растений [5].

Анализ литературы позволяет говорить, что наиболее перспективными, среди свободно живущих PGPR-бактерий, для агропроизводства являются представители родов *Bacillus* и *Pseudomonas*, которые способны оказывать на растения как ростостимулирующий, так и протекторный эффекты, что в конечном счете сказывается на продуктивности культур [6].

В период 2019–2022 гг. в лаборатории биоэкономики и устойчивого развития изучалось действие препаратов «Натурост» (основа *Bacillus subtilis* №111) и «Натурост-М» (*Bacillus megaterium* В-4801) на ростовые и продуктивные показатели ячменя сорта Сонет, овса сорта Лев и пшеницы сорта Дарья, в период 2020–2024 гг. – действие суспензии штамма *Pseudomonas* sp. GEOT18. Серии мелкоделяночных полевых экспериментов поставлены на опытном поле СЗНИИМЛПХ.

В рамках опытов, в течении вегетации, осуществлялась оценка ростовых параметров культур (ассимиляционная поверхность, весовые показатели), а также оценка структуры урожая и зерновой продуктивности в конце вегетации. Статистическую обработку данных осуществляли по стандартным методикам с использованием пакета анализа данных программы MS Excel'2019.

Результаты позволяют говорить, что использование суспензии штамма *Pseudomonas* sp. GEOT18 увеличивало ассимиляционную поверхность ячменя в фазу колошения на 21–60%, у овса – на 7–23%, у пшеницы – на 39–64%, сухая масса возрастала – на 29–64%, 34–38% и 28–70% соответственно и относительно контроля. При использовании экспериментальных препаратов, основа которых *B. subtilis* №111 и *B. megaterium* В-4801, наблюдалась схожая картина: увеличение ассимиляционной поверхности зерновых культур способствовало более интенсивному накоплению сухого вещества опытными вариантами относительно контроля. Так, сухая масса растений ячменя в фазу колошения, которые подвергались действию бактерий *B. subtilis* №111, превосходила контроль на 73–144%, овса – на 3–59% и пшеницы – на 21–53%, а при действии бактерий *B. megaterium* В-4801 различия по данному показателю достигали 73–144% у ячменя, 3–59% у овса и 21–53% у пшеницы.

Активация ростовых процессов положительно сказалась на изменении урожайности культур. Зерновая продуктивность ячменя сорта Сонет при действии препарата, основа которого *B. subtilis* №111, превосходила контроль на 10–20%, овса – на 2–29%, пшеницы – на 4%, при действии препарата, основа которого *B. megaterium* В-4801, различия достигали 7–46%, 15–31% и 5–11%, а в варианте, где использовалась суспензии штамма *Pseudomonas* sp. GEOT18, превосходство достигало – 16–40%, 21–24% и 5–14% соответственно.

Таким образом, исследование родов *Bacillus* и *Pseudomonas* действительно представляет интерес для агропроизводства, и их представители способны оказать ощутимое действие на ростовые и продуктивные показатели зерновых культур в условиях Нечерноземной зоны России.

Литература

1. Морозов А.И. Влияние регулятора роста Циркон на адаптивность сортов мяты перечной к нестабильным погодным условиям Нечерноземной зоны России. Плодоводство и ягодоводство России. 2011. Т. 28. №. 2. С. 83–89.
2. Астарханов И.Р., Ашурбекова Т.Н., Рамазанова З.М. Влияние пестицидной нагрузки на окружающую среду и пути его снижения. Проблемы развития АПК региона. 2014. Т. 20. №. 4. С. 49–52.
3. Дзюин Г.П., Дзюин А.Г. Коэффициенты использования азота, фосфора и калия из минеральных удобрений, навоза и почвы культурами севооборота. Международный журнал экспериментального образования. 2016. №. 5(1). С. 83–90.
4. Maitra S., Brestic M., Bhadra P., Shankar T., Praharaj S., Palai J.B., Rahman Shah M.M., Barek V., Ondrisik P., Skalický M., Hossain A. Bioinoculants-natural biological resources for sustainable plant production. Microorganisms. 2022. Vol. 10(1), 51. DOI: 10.3390/microorganisms10010051
5. Максимов И.В., Сингх Б.П., Черепанова Е.А., Бурханова Г.Ф., Хайруллин Р.М. Перспективы применения бактерий–продуцентов липопептидов для защиты растений (обзор). Прикладная биохимия и микробиология. 2020. Т. 56. №. 1. С. 19–34. DOI: 10.31857/S0555109920010134
6. Рассохина И.И. Использование микроорганизмов как средство повышения продуктивности и устойчивости сельскохозяйственных культур. АгроЗооТехника. 2021. Т. 4. № 3. DOI 10.15838/alt.2021.4.3.2.

ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ РЕАКЦИИ *MENTHA PIPERITA* L.

Рязанова С.М.¹, Махинова Е.Ю.¹

1 - Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К. А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева), 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49, E-mail: info@rgau-msha.ru

В последние десятилетия проблема истощения природных ресурсов стала одной из самых актуальных в научном сообществе. Особый интерес представляет светокультура и ее наибольшая оптимальность для использования человеком. Несмотря на значительное количество исследований, вопрос о необходимом и оптимальном спектрах света для получения наибольшей продуктивности выращивания остается дискуссионным.

Мята перечная (*Mentha piperita* L.) - искусственно выведенный гибрид мяты водяной и мяты колосовой, и в диком виде в природе не встречается. Генетический потенциал ее максимально раскрывается только в оптимизированных, контролируемых условиях.

Переход на выращивание мяты в рамках светокультуры, позволяет резко сократить использование природных ресурсов: пахотных земель, воды и удобрений. Как показывают исследования на других культурах, светодиодное облучение позволяет снизить энергозатраты в сравнении с традиционными натриевыми лампами, одновременно обеспечивая нужные морфофизиологические параметры растений.

Мята перечная - важное сырье для фармакологии, косметологии и пищевой промышленности, чья ценность определяется содержанием вторичных метаболитов. Ключевой проблемой является нестабильность состава сырья, полученного в полевых условиях. Управление спектральным составом света открывает путь к целенаправленному получению сырья с предсказуемо высоким содержанием целевых веществ (ментола, флавоноидов, эфирного масла), что крайне востребовано промышленностью.

Комплексная значимость *Mentha piperita* L. как ценного источника биологически активных веществ, с одной стороны, и потенциал контролируемой светокультуры как инструмента управления метаболизмом растений - с другой, определяют необходимость систематизации накопленных научных данных.

Перспективы дальнейших исследований:

Углубленное изучение синергетических эффектов. Необходимы детальные исследования по оптимизации соотношения красного, синего, а также других компонентов спектра (например, дальний красный) для одновременного максимизации урожая биомассы и целевых метаболитов.

Динамические световые режимы. Исследование влияния не статичного, а изменяющегося в течение суток или онтогенеза спектрального состава на метаболизм растения для разработки наиболее эффективных и энергосберегающих режимов освещения.

Реализация этих направлений позволит перейти от эмпирического подбора условий к созданию научно обоснованных, прецизионных технологий светокультуры *Mentha piperita* L., обеспечивающих стабильное получение высококачественного сырья с заданными свойствами.

Список литературы:

1. Плыкина М.С., Маланкина Е.Л., Тараканов И.Г. Особенности воздействия спектрального состава света на содержание эфирного масла и анатомическое строение мяты перечной (*Mentha X Piperita* L.). Страницы: 47-53. 2020г. 581.19:633.2
2. Малышева А. Г. , Шелепова О. В. , Юдин С . М . Трансформация компонентного состава эфирного масла и летучих выделений растений под влиянием искусственного освещения. Гигиена и санитария. 2019; 98(11): 1228-1234

3. Кондратьева В.В., Шелепова О.В., Воронкова Т.В., Енина О.Л., Олехнович Л.С. Физиолого-биохимические аспекты влияния света различного спектрального состава на растения мяты. 2012г. Страницы: 94-97

ФИТОЭФФЕКТ ПРИ СОЛЕВОМ СТРЕССЕ ОВСА

Савельева Ю.В., Ерёмин Д.И.

*Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Северного Зауралья
(НИИСХ СЗ) — филиал Тюменского научного центра Сибирского отделения
Российской академии наук (ТюмНЦ СО РАН), Тюмень 625501*

Актуальность проблемы засоления агроценозов постоянно возрастает в связи с процессами вторичного засоления, вызванными нерациональными методами орошения, а также глобальными климатическими изменениями. Высокие концентрации растворимых солей, преимущественно NaCl, в почвенном растворе создают комплексный стресс для растений, включающий осмотический и ионотоксический компоненты, а также индуцирующий окислительный стресс [1]. В этих условиях поиск культур, способных не только выживать, но и формировать хозяйственно ценную биомассу, а также изучение механизмов их адаптации, представляют первостепенную важность.

Овес посевной (*Avena sativa* L.) традиционно относится к культурам с умеренной солеустойчивостью. Его ответ на солевой стресс представляет собой не просто совокупность защитных реакций, а сложный феномен, определяемый как фитозффект – значимое качественное и количественное изменение метаболизма, приводящее к накоплению специфических биологически активных соединений (БАС) [2]. Данный феномен имеет не только фундаментальное значение для понимания механизмов устойчивости растений, но и прикладное – для создания продуктов функционального питания.

Цель исследования – провести анализ проявлений фитозффекта у овса посевного при воздействии солевого стресса.

Результаты. Данные представляют собой измерение фитозффекта у семи сортов овса, выраженного в процентах изменения длины корней по сравнению с контрольной группой (0%), при воздействии различных концентраций хлорида натрия (NaCl): от 1 г/л до 10 г/л.

Низкий уровень стресса наблюдается на концентрациях 1 и 3 г/л, реакция сортов неоднородна. У некоторых уже наблюдается подавление роста (отрицательные значения), в то время как другие проявляют устойчивость или незначительную стимуляцию.

"Талисман", "Фома", "Сириус" показывают стабильный рост или его стимуляцию даже на 3 г/л (+13%, +39%, +25% соответственно). Это указывает на их высокую толерантность на ранних стадиях стресса. "Мегион" и "Тобояк" напротив, сильно угнетаются уже при 1 г/л (-29% и -21%), что говорит об их высокой чувствительности [3].

Средний уровень стресса (5 г/л). Эта концентрация является "критической точкой" или "порогом толерантности" для большинства сортов. Здесь начинает ярко проявляться

положительный фитозэффект как адаптивная реакция. Подавляющее большинство сортов демонстрируют стимуляцию роста корней относительно контроля. Наибольший положительный фитозэффект наблюдается у "Тобояка" (+52%), "Радужного" (+46%) и "Сириуса" (+47%). Это классический пример гормезиса — стимулирующего действия умеренного стресса, когда растение, активируя защитные системы, не просто компенсирует ущерб, но и временно усиливает ростовые процессы.

Высокий уровень стресса (7 г/л и 10 г/л). На этих концентрациях стресс становится токсичным для большинства сортов. Однако именно здесь наиболее ярко видна разница между неустойчивыми и высокоустойчивыми сортами. "Радужный" и "Фома" проявляют выдающуюся устойчивость, достигая максимальной стимуляции роста на этих высоких концентрациях (+79% и +63%). "Талисман", "Отрада", "Сириус" также показывают положительный фитозэффект, хотя и менее выраженный. "Мегион" на этих концентрациях показывает незначительный рост или вновь впадает в депрессию, подтверждая свой статус самого чувствительного сорта [4].

Вывод. Представленные данные наглядно иллюстрируют, что фитозэффект при солевом стрессе носит нелинейный характер:

1. Низкие концентрации (5 г/л) выступают в роли эустресса (полезного стресса), запуская адаптивные механизмы и приводя к стимуляции роста корней у большинства сортов. Это положительный фитозэффект, который можно использовать в агротехнологиях.
2. Высокие концентрации (7-10 г/л) являются дистрессом, который подавляет рост чувствительных сортов, но при этом выявляет устойчивые генотипы, такие как "Радужный" и "Фома".

Список литературы:

1. Shabala S., Bose J., Hedrich R. Salt bladders: do they matter? // Trends in Plant Science. – 2014. – Vol. 19(10). – P. 687-691.
2. Yang L. et al. Induced plant defense mechanisms: The phytochemical effect // Journal of Agricultural and Food Chemistry. – 2018. – Vol. 66(12). – P. 3310-3320.
3. Гончарова Э.А., Алехнова О.В., Луценко Е.С. Влияние засоления на рост и содержание осмотически активных веществ у проростков овса посевного (*Avena sativa* L.) // Аграрный вестник Урала. – 2020. – № 05 (196). – С. 2-10.
4. Янкаускас Т.В., Журавлева Е.Ю., Новокрещенова А.В. Перспективы использования фитозэффекта для повышения качества растительной продукции // Известия высших учебных заведений. Пищевая технология. – 2022. – № 2-3 (386-387). – С. 10-14.

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ НА УРОВЕНЬ АФК И МЕЗОСТРУКТУРУ КОРНЕЙ ЯЧМЕНЯ

Савенко Е.М.¹, Кононенко Н.В.², Богоутдинова Л.Р.², Баранова Е.Н.²

1 – ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева), Москва 127550;

E-mail: agroeng@rgau-msha.ru

**2 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail:
biotech@iab.ac.ru**

Зерно ячменя широко используют для продовольственных, технических и кормовых целей, в том числе в пивоваренной промышленности (Донцова, 2016). Ячмень, несмотря на свою приспособленность к различным условиям выращивания, включая почвы Подмосковья, подвержен риску накопления тяжелых металлов вследствие повышенного их содержания в грунте, особенно характерного для территорий рядом с промышленностью и крупными городскими агломерациями. При возделывании ячменя существенным фактором является учет исходного фона тяжелых металлов, среди которых особое внимание уделяют свинцу, кадмию и мышьяку. Накопление высоких концентраций тяжёлых металлов нарушает физиологические процессы в растениях, снижает эффективность фотосинтеза и вызывает накопление токсинов, опасных для здоровья человека (Дубовик, 2023). Для предотвращения негативных последствий важно проводить мониторинг состояния почв (Горлушкина, 2018) и применять агротехнические меры, направленные на снижение уровня загрязнения тяжелыми металлами.

Целью данной работы было детальное изучение влияния стрессовых факторов, таких как высокое содержание меди, кадмия и железа на ключевые показатели жизнедеятельности двух сортов растений ячменя, включая выработку активных форм кислорода (АФК), особенности строения клеточной структуры тканей паренхимы, центрального цилиндра, корневого чехлика, а также толщину корней.

Растения ячменя сорта ТСХА 14 и ТСХА 15 выращивали в питательной среде Хогланда с добавлением солей тяжелых металлов Cu, Cd и Fe. Кадмий, согласно государственному стандарту, относится к первому классу опасности химических загрязняющих веществ, а медь ко второму (СанПиН 2.1.7.1287-03). Железо относят к микроэлементу полезному для растений, но избыток данного элемента токсично влияет на растения.

Методами световой и флуоресцентной микроскопии установлено, что у растений ячменя под действием большой концентрации тяжелых металлов при окрашивании корней ячменя сортов ТСХА 14 и ТСХА 15 маркером АФК Carboxy-H2DFF наблюдается разное количество продукции АФК, определяемое по интенсивности флуоресценции. Интенсивность флуоресценции АФК в большей степени повышается у ТСХА 14 под действием Cu, Fe (в 1,4 и 2 раза) и снижается в 1,8 раза под действием Cd по сравнению с сортом ТСХА 15. Полученные данные показывают, что при влиянии высоких концентраций тяжелых металлов наиболее интенсивное окрашивание АФК наблюдается в зонах деления и элонгации, что приводит к гибели клеток.

Длина корня под действием Fe, Cu, Cd снижается больше у сорта ТСХА 14 (в 1,7-2,5 раз) по сравнению с контролем. У сорта ТСХА 15 – в 1,3-2,1 раза. Высота побега под действием Fe, Cu, Cd также в большей степени снижается у сорта ТСХА 14, причем сильнее всего под действием железа.

Для проведения световой микроскопии проводили фиксацию фрагментов корней в 2,5%-ном растворе глутарового альдегида на 0,1 М фосфатном буфере (pH 7,2) с добавлением 1.5%-ной сахарозы в течение 24 ч. и дофиксировали 1%-ным раствором OsO_4 . Впоследствии образцы обезживали и заключали в смесь эпон-аралдитных смол. Площадь клеток определяли с помощью программного обеспечения Cell A.

На полутонких продольных срезах была изучена мезоструктура корней ячменя сортов ТСХА 14 и ТСХА 15 в условиях повышенного содержания тяжелых металлов. В ходе исследования были показаны изменения площади клеток различных типов тканей корневой системы. Так, у растений, выращенных на среде с тяжелыми металлами обнаружена большая площадь клеток. Площадь клеток паренхимы у сорта ТСХА 14 увеличивается больше всего под действием Cu (в 5,8 раза) по сравнению с контролем. У сорта ТСХА 15 их площадь увеличивается под действием Cd (в 1,8 раз). Площадь клеток центрального цилиндра обоих сортов в средах с тяжелыми металлами выше контроля, а самые высокие показатели площади в среде с Cu – у сорта ТСХА 14 увеличивается в 1,8 раз, а у сорта ТСХА 15 в 1,2 раза. Определяемая толщина корней ТСХА 14 более чувствительна к Cu (в 2,2 раза), и в меньшей степени к Fe (в 2 раза), и почти не чувствительна к Cd . У сорта ТСХА 15 толщина корней не изменяется под действием Cd и Fe , но чувствительна к Cu (в 1,4 раза). Таким образом, из всех исследуемых морфометрических и цитологических показателей, можно сделать вывод, что сорт ячменя ТСХА 14 более чувствителен к действию тяжелых металлов по сравнению с сортом ТСХА 15.

Список литературы:

1. Горлушкина К.С., Бадмаева С.Э. Содержание тяжелых металлов в почвах промышленных предприятий г. Красноярск / Вестник КрасГАУ, 2018, №6, С 254-258. УДК 631.416:546.7/8
2. Дубовик Е.В., Дубовик Д.В. СОДЕРЖАНИЕ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ В ЯРОВОМ ЯЧМЕНЕ ПРИ МИНИМИЗАЦИИ ОСНОВНОЙ ОБРАБОТКИ ПОЧВЫ / Международный сельскохозяйственный журнал, 2023, том 66, №5 (395), С 518-521. DOI: 10.55186/25876740_2023_66_5_518
3. Донцова А.А., Филиппов Е.Г., Донцов Д.П., Терновая Е.А. ПРОИЗВОДСТВО ЯЧМЕНЯ В МИРЕ И РОССИИ / Журнал зерновое хозяйство России. Аграрный научный центр "Донской", 2016, №6, С 7-13. ISSN: 2079-8725 eISSN: 2079-8733 УДК 633. 161: 631. 52
4. «Санитарно-эпидемиологические требования к качеству почвы и грунтов [Электронный ресурс]: СанПиН 2.1.7.1287-03; утв. постановлением от 17 апреля 2003 г. № 53 Зарегистрировано в Минюсте РФ 5 мая 2003 г. № 4500

ДИНАМИКА АЛЛЕЛОПАТИЧЕСКОГО РЕЖИМА В ЛЕСНЫХ БИОГЕОЦЕНОЗАХ

Семко Е.К., Авакумов А.Д.

*ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА
имени К.А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева), 127434, г.
Москва, ул. Тимирязевская, 49, daiantaralle@yandex.ru*

В процессе эволюции для адаптации к условиям места произрастания растения, в том числе древесные виды, выработали целый ряд механизмов, позволяющих активно влиять на окружающую среду [1]. В условиях лесного биогеоценоза жизненно важным приспособительным механизмом растений является способность успешно конкурировать за ресурсы и неосвоенное пространство [2]. Одним из таких механизмов является аллелопатия.

Аллелопатия — это биохимическое взаимодействие между организмами. Каждая особь биоценоза, выделяя во внешнюю среду продукты метаболизма, создает вокруг себя специфическую среду, которая для рядом произрастающих растений, растительноядных насекомых, микроорганизмов может быть токсичной благоприятной или индифферентной [3]. Растения, находящиеся в состоянии стресса, активнее синтезируют и выделяют аллелохимические соединения [7]. Поскольку все особи биоценоза взаимосвязаны, можно рассматривать всю совокупность аллелопатически активных веществ в фитоценозе как составную часть среды, как особый, аллелопатический фактор. Так как аллелопатический фактор представляет собой сложный, изменяемый во времени по качественному составу и количественным соотношениям комплекс аллелопатически активных веществ, можно говорить об аллелопатическом режиме, аналогично тепловому водному и другим экологическим режимам. Этот режим, помимо видовой специфичности каждого биоценоза, в определенной степени зависит от внешних факторов. Выявлена связь с сезонными изменениями температуры, осадков, а также с антропогенным влиянием в рекреационных лесах [4].

Аллелопатический режим в естественных лесных биогеоценозах имеет динамический характер и подвержен изменениям как внутрисезонным, так и годичным [5]. В исследованных типах леса аллелопатическая напряженность, то есть количество аллелопатически активных веществ, возрастает от весны к осени, а летом в большинстве случаев несколько снижается. У листопадных древесных видов, например, *Castanea sativa*, в летний период аллелопатические взаимодействия носят стимулирующий характер, в то время как осенью наблюдается ингибирующее действие [4]. Однако сезонные изменения меняются от года к году в зависимости от температурных условий и осадков. Так, при незначительном количестве осадков аллелопатическая напряженность резко увеличивается от весны к осени, в то время как при активном увлажнении почвы из-за большого количества осадков напряженность была самой низкой. Это объясняется вымыванием аллелопатических веществ из почвы при большем количестве осадков. Также динамика аллелопатического режима напрямую связана с температурой среды. Исследования показали, что при повышении температуры повышается и аллелопатическая активность почвы. [6]

В рекреационных лесах выявлена прямая зависимость аллелопатической напряженности от рекреационной нагрузки. Величина нагрузки выражается отношением количества человек, посещающих биоценоз, к гектару его площади. [4]. При этом в таких экосистемах, в зависимости от доминирующего древостоя, величины разовой рекреационной нагрузки и времени аллелопатические эффекты могут проявлять как стимулирование, так и ингибирование ростовых процессов [4].

Динамика аллелопатического режима в лесных биогеоценозах зависит от множества факторов, в том числе и не упомянутых. Дальнейшее изучение данной темы поможет спрогнозировать аллелопатическую реакцию биогеоценозов на будущие климатические изменения, а также способность реагировать на антропогенную нагрузку и инвазию видов, не входящих в изначальный биогеоценоз.

Список литературы

1. Лебедев, В. М. Вопросы аллелопатии в лесных фитоценозах — состояние и перспективы / В. М. Лебедев, Е. В. Лебедев. // Агрохимия. — 2015. — № 4. — С. 85-91.
2. Knapp R. 2. Mutual influences between plants, allelopathy, competition and vegetation changes // *Vegetation Dynamics. Handbook of Vegetation Science*. — 1974. — V. 8. P. — 111–122.
3. Кондратьев, М. Н. Взаимосвязи и взаимодействия в растительных сообществах / М. Н. Кондратьев, Г. А. Карпова, Ю. С. Ларикова. — Москва : РГАУ-МСХА, 2014. — 300 с.
4. Щербина, В. Г. Динамика аллелопатических эффектов почвы в лесных экосистемах с монодоминантным древостоем после моделирования рекреационной нагрузки / В. Г. Щербина. // Системы контроля окружающей среды. — 2022. — № 1 (47). — С. 94-104.
5. Матвеев, Н. М. О сезонной и ежегодичной динамике аллелопатического режима в в естественных лесных биогеоценозах среднего Приднестровья / Н. М. Матвеев. // Лесной журнал. — 1976. — № 2. — С. 15-19.
6. Заименко, Н. В. Аллелопатическая активность луговика антарктического (*Deschampsia antarctica* E. Desy.) в контексте глобальных изменений климата / Н. В. Заименко, Т. Ю. Бедерничек, П. Б. Хоецкий. — Текст : непосредственный // Бюллетень Ботанического сада-института. — 2016. — № 15. — С. 26-28.
7. Авакумов, А. Д. Генетические особенности аллелопатической активности растений / А. Д. Авакумов, Я. Ю. Голиванов // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии XXIII : Материалы 23-ей Всероссийской молодежной научной конференции, Москва, 14–16 ноября 2023 года. — Москва: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», 2023. — С. 69-70. — DOI 10.48397/ARRIAB.2023.23.XXIII.037. — EDN AAAPYZ.

ВЛИЯНИЕ СОСТАВА ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД НА ЭФФЕКТИВНОСТЬ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ *ULMUS PUMILA* L.

Шабанова Е.А.

ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики,
селекции и биотехнологии» (ФГБУ «ВНИИЛГИСбиотех»), г. Воронеж,
ул. Ломоносова, 105; E-mail: katy-green2009@yandex.ru

Вяз приземистый или мелколистный (*Ulmus pumila* L.) относится к засухоустойчивым и солеустойчивым древесным породам. Механизмы устойчивости вяза остаются в настоящий момент недостаточно изученными. Отбор, сохранение и размножение перспективных генотипов вяза может способствовать восстановлению и созданию новых древесных насаждений в аридных условиях.

Моделирование условий в культуре тканей позволяет ускорить диагностику и проводить селекцию *in vitro* по целевым признакам [1, 2]. Для проведения подобных исследований необходим коллекционный материал различного происхождения, в том числе отобранный непосредственно на территориях с хроническим воздействием стрессовых факторов. Формированию коллекций *in vitro* ценных генотипов предшествуют этапы разработки технологий клонального микроразмножения видов, а также усовершенствования подходов для тиражирования и хранения *in vitro* отдельных гибридов, форм, сортов растений [3].

Работы по клональному микроразмножению различных видов вяза начаты еще в 80-х годах XX века. Однако при культивировании *in vitro* выявляются существенные различия в особенностях регенерации и укоренения микропобегов у деревьев разных генотипов [4]. В связи с этим актуальным вопросом является оптимизация отдельных элементов технологии микроразмножения, включая состав питательных сред, с целью повышения эффективности тиражирования селекционного посадочного материала. Культуры *in vitro* также могут быть востребованы для разработки генно-инженерных методов в селекции вяза.

Объектами исследования послужили взрослые деревья вяза приземистого, отобранные в Элистинском лесничестве Республики Калмыкия в 2023-2024 гг. Для введения в культуру использовались однолетние побеги, изолированные в срок с апреля по август. Тестировались питательные среды Драйвера и Куниюки (DKW), Мурасиге – Скуга (MS), Woody Plant Medium (WPM), дополненные регуляторами роста 6-бензиламинопурином (6-БАП), тидиазуроном (ТДЗ), гибберелловой кислотой (ГК), индолил-3-масляной кислотой (ИМК).

Вне зависимости от минерального состава среды, при использовании низких концентраций цитокининов 6-БАП и ТДЗ (0,1-0,5 мг/л) в основании первичных эксплантов происходил интенсивный каллусогенез, что, по-видимому, было вызвано высокой концентрацией эндогенных ауксинов. Образовавшийся каллус был водянистым и в течение 2-3 недель некротизировался. При пересадке на среды с более высокими концентрациями цитокинина (1-2 мг/л 6-БАП) в каллусных культурах отдельных генотипов развивались почки и побеги длиной до 0,5-1 см. Данные побеги были этиолированы, имели низкую жизнеспособность и были не способны к укоренению. Лучшие результаты по побегообразованию были получены при использовании сред DKW и MS с добавлением 1-ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

2 мг/л БАП и 0,2 мг/л ГК. Эффективность побегообразования на различных питательных средах варьировала от 16,5 до 52,9%.

Первичные пазушные и верхушечные микропобеги вяза приземистого укоренялись на питательных средах с половинным составом макроэлементов $\frac{1}{2}$ MS и сниженным содержанием сахарозы (20 г/л), дополненных ИМК в концентрациях 0,01 и 0,1 мг/л. Укореняемость существенно зависела от генотипа и физиологического состояния изолированных побегов, формирование корней начиналось на 7-10 сутки.

Значительная часть первичных микропобегов и микрочеренков укоренялась только с образованием каллуса. Появление каллуса, мешающего нормальному укоренению и в целом сбалансированному развитию микрорастений, отмечалось также на безгормональных средах с полным составом макросолей MS, WPM, DKW и стандартным содержанием сахарозы 30 г/л. В дальнейших экспериментах использовались модифицированные безгормональные среды с сокращенным содержанием макроэлементов и сахарозы.

Тестировались безгормональные среды $\frac{1}{2}$ MS, $\frac{1}{2}$ DKW, $\frac{1}{4}$ DKW с содержанием сахарозы 20 г/л. Процент укоренившихся микрочеренков составил 40-80% для разных вариантов опыта. Лучшие результаты получены на средах $\frac{1}{4}$ DKW. Среднее число корней в зависимости от генотипа варьировало от 1,3 до 2,2. Средняя длина основного корня достигала 2,5-4,0 см за 1,5-месячный цикл культивирования.

Добавление в питательные среды угля в концентрациях 5 и 10 г/л способствует эффективному укоренению микрочеренков вяза без каллусообразования и верхушечного некроза, 40-90% в зависимости от генотипа и варианта опыта. Лучшие результаты получены на питательных средах $\frac{1}{2}$ DKW + акт. уголь 1%, $\frac{1}{4}$ DKW + акт. уголь 0,5%.

Отмечены генотипические различия в особенностях роста клонов. За 1,5 месяца культивирования на среде $\frac{1}{4}$ DKW + 5 г/л активированного угля в среднем формировались микрорастения с побегами высотой 2,3-3,8 см. Лучшим ростом отличались микрорастения, полученные из апикальных микрочеренков.

Полученные микрорастения вяза использовались для адаптации к условиям *ex vitro*. Работа выполнена в рамках государственного задания Федерального агентства лесного хозяйства. Рег. № НИОКТР 123070400038-0.

Список литературы:

1. Аминева Е.Ю., Табацкая Т.М., Машкина О.С. Оценка солеустойчивости *Populus L.* в условиях моделируемого стресса *in vitro* // Субтропическое и декоративное садоводство. – 2021. – № 79. – С. 60-66.
2. Mu D., Ding C. Developing a salinity tolerance indicator for tree varieties at challenging sites and urban forests based on inferences of physiological responses: an example of *Ulmus pumila* // Trees – 2022.–№36.– P. 593–607.
3. Машкина О. С. Табацкая Т. М., Корчагин О. М. Рекомендации по получению толерантных к засолению клонов березы селекцией *in vitro* и выращивание посадочного материала на их основе – Воронеж: Издательско-полиграфический центр "Научная книга", 2023. – 48 с.
4. Conde P., Sousa A., Costa A., Santos C. A protocol for *Ulmus minor* Mill. micropropagation and acclimatization // Plant Cell Tiss Organ Cult. – 2008 –№92. – P.113–119.

ТЕХНОЛОГИЯ МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ *VINCETOXICUM HIRUNDINARIA MEDICUS*

Смирнова В.С., Ситникова О.Н.

*Костромской государственный университет (КГУ), Кострома 156005; E-mail:
smirnova.vika261104@yandex.ru*

На данный момент во всем мире остро стоит вопрос о сохранении численности исчезающих видов. Виды могут оказываться на грани исчезновения из-за различных факторов воздействия окружающей среды, человека или из-за сложности процесса размножения. Применяются различные методы для восстановления видов, но не все показывают хорошую эффективность в данном вопросе. Поэтому использование микроклонального размножения исчезающих видов как никогда актуально в наше время. В основе микроклонирования лежит уникальная способность растительной клетки реализовывать присущую ей генетическую информацию – тотипотентность, то есть способность клетки под влиянием экзогенных воздействий давать начало целому растительному организму. Микроклонирование наиболее целесообразно использовать для размножения исчезающих видов растений так как они начнут обладать устойчивостью к вредителям и болезням или выдающимися показателями скорости роста [1].

Ластовень ласточкин (*Vincetoxicum hirundinaria Medicus*) - многолетнее травянистое растение. Ядовитое растение, имеющее применение в народной медицине и ветеринарии. Обладает низкой экологической пластичностью, поэтому страдает при изменениях структуры фитоценоза как естественного, так и антропогенного характера [2]. В красной книге имеет статус Категория 3 (Редкий вид) [2]. Стебель неветвящийся прямостоячий, слегка выходящее растение высотой до 120 см. Листья крупные, до 10 см в длину, яйцевидно-ланцетные, длиннозаостренные, слабо опушенные, черешковые [3]. Цветки до 1 см в диаметре, белые пятичленные, в пазушных малоцветковых зонтиках. Цветет с мая по август, плодоносит с июня по сентябрь [3].

Исследование по клональному микроразмножению Ластовня ласточкиного (*Vincetoxicum hirundinaria Medicus*) велось с использованием как вегетативного, так и семенного материала.

Первая посадка вегетативного материала была осуществлена 11 июля 2024 года 21 экспланта на среду MS 1.0 БАП 0.1 НУК и 7 эксплантов на среду MS. На 8 день (18.07.2024) исследования были зафиксированы 10 стерильных морфогенных (48%), 8 нестерильных морфогенных (38%), 3 нестерильных неморфогенных (14%) растения на среде MS 1.0 БАП 0.1 НУК и 6 стерильных морфогенных (86%), 1 нестерильное морфогенное (14%) растения на среде MS. Через 15 дней (02.08.2024) на среде MS 1.0 БАП 0.1 НУК были 17 нестерильных неморфогенных (94%), 1 стерильное неморфогенное (6%) растения, а на среде MS 4 стерильных морфогенных (57%), 1 нестерильное морфогенное (14%), 2 нестерильных неморфогенных (29%) растения. На 40 день (19.08.2024) опыта остались только растения на среде MS, которые были представлены 4 стерильными морфогенными (80%) и 1 нестерильным морфогенным (20%) растениями. На 118 день (05.11.2024) исследования остались только 2 нестерильных морфогенных (100%) растения.

Параллельно этому 13 сентября 2024 года была совершена вторая посадка вегетативного материала 2 растений на среду MS 1.0 БАП 0.1 НУК, которая была представлена 6 эксплантами. На 29 день исследования были зафиксированы 4 нестерильных неморфогенных (67%) и 2 нестерильных морфогенных (33%) растения. А к 54 дню (05.11.2024) опыта были обнаружены 6 нестерильных неморфогенных (100%) растений.

В итоге было получено 2 морфогенных растения на среде MS. Из этого можно сделать вывод, что метод микроклонального размножения для *V. hirundinaria Medicus* на питательных средах MS 1.0 БАП 0.1 НУК и MS не эффективен.

Первая посадка семенного материала была осуществлена 19 июля 2024 года на среду MS 1.0 БАП 0.1 НУК и состояла из 9 семян. На момент 2 августа 2024 года все семена оставались стерильными, но не проросшими. Через 70 дней (11.10.2024), то есть на 85 день с начала заложения опыта, 5 семян проросли (56%), 2 оставались стерильными морфогенными (22%), 1 нестерильный морфогенный (11%) и 1 нестерильное неморфогенное (11%). На 110 день (05.11.2024) 7 семян были стерильными морфогенными (87%) из которых 5 проросло (72%), 1 нестерильное неморфогенное (13%).

Вторая посадка 17 семян на среду MS была произведена 13 сентября 2024 года. На 29 день (11.10.2024) исследования были зафиксированы 9 нестерильных морфогенных (53%) не проросших, 8 стерильных морфогенных (47%) не проросших семян. И только на 54 день (05.11.2024) 1 семя проросло (6%).

В итоге мы получили 5 морфогенных растений на среде MS 1.0 БАП 0.1 НУК и 1 морфогенное растение на среде MS.

После проведенного нами опыта можно сделать вывод, что микроклональное размножение вегетативных частей *V. hirundinaria Medicus* на средах MS 1.0 БАП 0.1 НУК и MS не эффективно по сравнению с размножением *V. hirundinaria Medicus* с помощью семян в культуре *in vitro*. Но можно заметить наиболее лучшую жизнеспособность эксплантов из вегетативных частей *V. hirundinaria Medicus* взятых из природных условий в момент его цветения и посаженных на среду MS. Как и при размножении семенами *V. hirundinaria Medicus* в культуре *in vitro*, лучшую всхожесть показали семена, взятые из природных условий в момент цветения растения, но посаженные на среду MS 1.0 БАП 0.1 НУК.

Список литературы:

1. Chokheli, V.A.; Bakulin, S.D.; Ermolaeva, O.Y.; Kozlovsky, B.L.; Dmitriev, P.A.; Stepanenko, V.V.; Kornienko, I.V.; Bushkova, A.A.; Rajput, V.D.; Varduny, T.V. Investigation of Growth Factors and Mathematical Modeling of Nutrient Media for the Shoots Multiplication In Vitro of Rare Plants of the Rostov Region. *Horticulturae* 2023, 9, 60. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9010060>
2. Красная книга Костромской области / Красная книга Костромской области / науч. ред. М. В. Сиротина, А. Л. Анциферов, А. А. Ефимова; администрация Костромской области, Департамент природных ресурсов и охраны окружающей среды Костромской области, Костромской государственный университет. – 2-е изд., перераб. и доп. – Кострома: Костромской государственный университет, 2019. – 432 с.

3. Губанов И. А. Иллюстрированный определитель растений Средней России. Т. 3. Покрытосеменные (двудольные: раздельнолепестные) / И. А. Губанов, К. В. Киселева, В. С. Новиков, В. Н. Тихомиров. – М., 2004. – 520 с.

СВЯЗЬ ИММУНО-БИОХИМИЧЕСКОГО СТАТУСА С ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТЬЮ ПРОДУКТИВНОГО ПЕРИОДА У КУР- НЕСУШЕК

Йылдырым Е.А.^{1,2}, Филиппова В.А.^{1,2}, Соколова К.А.^{1,2}, Ильина Л.А.^{1,2},
Лаптев Г.Ю.¹

*1 – Общество с ограниченной ответственностью «БИОТРОФ+»
(ООО «БИОТРОФ+»), Санкт-Петербург 192284, E-mail: kseniya.k.a@biotrof.ru
2 – ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет»
(ФГБОУ ВО СПбГАУ), Санкт-Петербург, Пушкин 196601*

Обеспечение стабильно высокой яйценоскости на протяжении всего продуктивного периода представляет собой одну из наиболее значимых задач в современном птицеводстве [1]. Так состав крови объективно отражает уровень обмена веществ и общее функциональное состояние организма [2]. Поэтому любые изменения ключевых биохимических и иммунных параметров служат ценным диагностическим признаком. В этой связи особую практическую ценность приобретает идентификация специфических иммуно-метаболических маркеров, связанных с репродуктивным потенциалом, что открывает возможности для прогнозирования продуктивного долголетия несушек и своевременного выявления рисков снижения их производительности [3-5].

Материалы и методы. Для проведения научно-производственного эксперимента были отобраны 2 группы кур-несушек породы Хайсекс Браун, с предполагаемым высоким продуктивным долголетием (n=60) и с низким продуктивным долголетием (n=60), содержащиеся в условиях научно-опытного хозяйства ООО «БИОТРОФ+».

Отбор проб крови для исследования иммуно-биохимических показателей осуществляли у птиц обеих групп (по 3 головы из группы). Забор крови производили из подкрыльцовой вены в вакуумные пробирки с ЭДТА для гематологических исследований и в пробирки с активатором свертывания для получения сыворотки крови.

Статистическая обработка данных проводилась с использованием t-критерия Стьюдента. Результаты представлены в виде среднего арифметического (M) ± стандартная ошибка среднего (m). Различия считались статистически значимыми при p<0,05. Сравнение средних значений проводили с помощью критерия Тьюки (Honestly Significant Difference, HSD), реализованного функцией TukeyHSD в пакете R Stats Package (США).

Результаты. В результате проведения анализа было выявлено, что группа с низким репродуктивным долголетием характеризовалась напряженностью иммунной системы и измененным метаболическим статусом. У птиц данной группы была достоверно повышена бактерицидная активность сыворотки крови на 11,1% – 70,67±1,44% в сравнении с группой

с высоким долголетием – $63,60 \pm 1,60\%$ ($p \leq 0,05$) и отмечена тенденция к росту концентрации иммуноглобулина G на $23,0\%$ – $12,61 \pm 0,56$ г/л против $10,25 \pm 0,96$ г/л, что может свидетельствовать о компенсаторной реакции на хронический иммунный вызов или субклиническое состояние.

Наиболее значимые различия выявлены в биохимических показателях. У низкопродуктивных несушек зафиксирован статистически более высокий уровень общего белка в сыворотке крови – $69,7 \pm 0,69$ г/л против группы с высоким долголетием – $52,0 \pm 1,16$ г/л ($p \leq 0,05$), что представляет собой увеличение на $34,0\%$ и может указывать на воспалительные процессы или усиленный синтез белков острой фазы. Также у этой группы была повышена активность щелочной фосфатазы на $30,7\%$ ($385,99 \pm 27,01$ МЕ против $295,26 \pm 19,88$ МЕ, $p \leq 0,05$), что отражает возможное напряжение метаболических процессов, связанных с интенсивной яйцекладкой.

Заключение. Полученные данные демонстрируют, что иммунологические и биохимические параметры крови являются основными критериями для прогнозирования репродуктивного потенциала кур-несушек.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда, грант №22-16-00128-П

Список литературы:

1. El-Sabrou K., Aggag S., Mishra B. Advanced Practical Strategies to Enhance Table Egg Production. Scientifica. 2022; 2022:1393392. DOI: 10.1155/2022/1393392.
2. Bansal C.J., Bansal A.S. Stress, pseudoallergens, autoimmunity, infection and inflammation in chronic spontaneous urticaria. Allergy, Asthma & Clinical Immunology. 2019; 15(1):56. DOI: 10.1186/s13223-019-0372-z.
3. Yaxiao H. Identification of biomarkers associated with sexual maturity in laying hens based on metabolomics and gut microbiology / H. Yaxiao, Z. Ran, Z. Rongyan et al. // Poultry Science. 2025;104(9):105469. DOI: 10.1016/j.psj.2025.105469.
4. Beers D.R. Elevated acute phase proteins reflect peripheral inflammation and disease severity in patients with amyotrophic lateral sclerosis / D.R. Beers, W. Zhao, D.W. Neal et al. // Scientific Reports. 2020; 10(1):15295. DOI: 10.1038/s41598-020-72247-5.
5. Charlton M. R. Protein metabolism and liver disease. Baillière's Clinical Endocrinology and Metabolism. 1996; 10(4):617–635. DOI: 10.1016/S0950-351X(96)80771-3.

ИЗМЕНЕНИЯ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ КУЛЬТИВАЦИОННОЙ СРЕДЫ В ПРОЦЕССЕ МОРФОГЕНЕЗА *TARAXACUM KOK-SAGHYZ* R. В УСЛОВИЯХ *IN VITRO*

Стаценко Е. А.¹, Мартиросян Л.Ю.^{1,2}, Мартиросян Ю.Ц.^{1,2}

1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;

E-mail: statsenko.6@gmail.com

2-ФГБУН Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН,
(ИБХФ РАН) 119334 Россия, г. Москва, ул. Косыгина, 4, levon-agro@mail.ru

Контроль и оптимизация условий культивирования являются ключевыми аспектами успешного микроразмножения и биотехнологии растений *in vitro* [1]. Питательная среда представляет собой динамичную систему, физико-химические параметры которой значительно изменяются в результате жизнедеятельности эксплантов [2]. Показатели pH, удельной электропроводности (Ес), осмотического давления (ОД) и оптической плотности (ОП) среды служат важными интегральными индикаторами физиологического состояния культуры и протекающих в ней биохимических процессов [1].

В ходе морфогенеза растения активно поглощают ионы химических соединений и другие питательные вещества, а также выделяют в среду ионы водорода (H⁺), органические кислоты, вторичные метаболиты, фитогормоны и экзополисахариды, что напрямую влияет на физико-химический статус среды [3]. Так, подкисление среды (снижение pH) часто связано с поглощением катионов (NH₄⁺, K⁺, Ca²⁺, Mg²⁺) и выделением H⁺-ионов для поддержания ионного баланса, что может влиять на доступность питательных веществ и активность ферментов [3]. Снижение Ес является прямым свидетельством потребления минеральных элементов, в то время как колебания осмотического давления отражают динамику баланса растворенных веществ, включая как потребленные сахара и ионы, так и выделенные метаболиты [4]. Повышение оптической плотности среды, в свою очередь, может служить маркером накопления продуктов вторичного метаболизма или экзополисахаридов.

Целью настоящей работы являлось исследование динамики изменения ключевых физико-химических параметров (pH, Ес, осмотического давления и оптической плотности) культивационной среды в процессе культивирования *Taraxacum kok-saghyz* R. в жидкой питательной среде MS. Анализ корреляции между характером морфогенеза и изменением показателей культуральной среды позволит лучше понять физиолого-биохимические основы ростовых процессов *in vitro* и может лечь в основу разработки эффективных протоколов культивирования ценных видов растений [5].

Экспланты *Taraxacum kok-saghyz* R. культивировали в условиях *in vitro* в 100 мл питательной среды 1/2 MS. В опыте использовали среду с исходным значением, после автоклавирования, pH- 6,8. В среду добавляли витаминный комплекс по прописи Бутенко и антибиотик цефотаксим в концентрации 1000 мг/л. Продолжительность культивирования составила 16 суток. Культивирование проводили в термостатируемом помещении при температуре 26±1°C на орбитальном шейкере со скоростью 80 об/мин при фотопериоде 16/8 ч. Для контроля изменения физико-химических параметров в течение времени

проведения экспериментов использовали аналогичную среду, не содержащую эксплантов *Taraxacum kok-saghyz* R.

В течение всего периода культивирования ежедневно проводили отбор проб питательной среды, объемом 4 мл, для анализа динамики изменения показателей pH, Ес, ОД и ОП. Анализ полученных данных выявил следующую динамику изучаемых параметров:

- электропроводность демонстрировала устойчивую тенденцию к снижению с 2,79 мСм/см до 1,9 мСм/см к завершению эксперимента, что свидетельствует о активном потреблении минеральных элементов растительными эксплантами;

- осмотическое давление питательной среды характеризовалось нелинейной динамикой с чередованием фаз снижения и повышения показателя. Начальное значение ОД составляло 148 мОсм/кг, конечное 164 мОсм/кг, что отражает сложный баланс между потреблением питательных веществ и выделением метаболитов в процессе культивирования;

- показатель pH питательной среды в варианте с исходным значением 6,8 постепенно снижался до pH - 4,6, после чего стабилизировался и сохранялся на достигнутом уровне до окончания эксперимента;

- оптическая плотность среды регистрировала прогрессирующее увеличение с 0 до 165 условных единиц, что может указывать на аккумуляцию в среде вторичных метаболитов, экзополисахаров и продуктов деградации растительных тканей.

Проведенные исследования демонстрируют, что в процессе культивирования эксплантов *Taraxacum kok-saghyz* R. *in vitro* происходят существенные изменения физико-химических параметров питательной среды, что является отражением их ростовых и метаболических процессов. Установленные закономерности динамики изменения ключевых показателей культивационной среды свидетельствуют о комплексном характере взаимодействия между растительным эксплантом и питательной средой. Наблюдаемое устойчивое снижение Ес и значимое подкисление среды до стабильного уровня pH 4,6 указывает на активную роль эксплантов в трансформации питательной среды. Полученные данные имеют практическую значимость для разработки оптимизированных протоколов культивирования различных эксплантов с целью повышения эффективности процессов микроразмножения и накопления биомассы у данного вида. Установлено, что культивирование эксплантов *Taraxacum kok-saghyz* R. вызывает значимые изменения всех изучаемых физико-химических параметров питательной среды 1/2 MS, что подтверждает активный характер их метаболизма *in vitro*.

Таким образом, контроль и управление физико-химическими параметрами питательной среды является эффективным инструментом для оценки физиологического состояния культивируемых эксплантов *Taraxacum kok-saghyz* R. и может быть использован для оптимизации условий их культивирования *in vitro*.

Список литературы:

1. Thorpe T. A. History of plant tissue culture //Molecular biotechnology. – 2007. – Т. 37. – №. 2. – С. 169-180.

2. Shibli R. A. et al. Stability of chemical parameters of tissue culture medium (pH, osmolarity, electrical conductivity) as a function of time of growth //Journal of plant nutrition. – 1999. – Т. 22. – №. 3. – С. 501-510.
3. Abdalla N. et al. An academic and technical overview on plant micropropagation challenges //Horticulturae. – 2022. – Т. 8. – №. 8. – С. 677.
4. He L. et al. The Impact of Nutrient Solution Electrical Conductivity on Leaf Transcriptome Contributing to the Fruit Quality of Cucumber Grown in Coir Cultivation //International Journal of Molecular Sciences. – 2024. – Т. 25. – №. 22. – С. 11864.
5. Yang X. et al. Efficient vegetative propagation and genetic transformation of Russian dandelion (*Taraxacum kok-saghyz* Rodin) from leaf explants //Industrial Crops and Products. – 2024. – Т. 209. – С. 118072.

ВЛИЯНИЕ СПЕКТРАЛЬНОГО СОСТАВА СВЕТА НА МОРФОБИОЛОГИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ СОРТОВ СОИ (*GLYCINE MAX* L.) В УСЛОВИЯХ ИСКУССТВЕННОГО КЛИМАТА

**Свистунова Н.Ю., Минькова Я.В., Ромашкина С.И., Канунникова В.Ю.,
Кочешкова А.А., Дивашук М.Г.**

***Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ
ВНИИСБ) ул. Тимирязевская 42, Москва, e-mail: svistunova2020@yandex.ru***

Соя, как одна из важнейших сельскохозяйственных культур, требует оптимизации условий выращивания, особенно в условиях ускоренной селекции (спидбридинга), позволяющей получать несколько поколений в год [1]. В современных условиях интенсификации сельскохозяйственного производства особое значение приобретает исследование влияния различных факторов на продуктивность культур, в частности сои (*Glycine max* L.). Актуальность темы обусловлена необходимостью повышения эффективности селекционного процесса в растениеводстве.

Основная цель работы заключается в изучении влияния различных спектральных характеристик искусственного освещения на морфогенез, фенологическое развитие и продуктивность растений сои в условиях контролируемого выращивания. В эксперименте изучалось влияние трёх спектров света — синего, красного и дальнего красного — на рост и показатели продуктивности сортов сои. Известно, что красный и синий спектры света оказывают наибольшее влияние на морфогенез и продуктивность растений. Дальний красный спектр (710-800 нм) стимулирует удлинение стеблей и цветение, тогда как синий спектр (400-500 нм) способствует развитию корневой системы и формированию листьев. Кроме того, от спектрального состава света существенно зависит еще фотосинтетическая активность растений. Фоторецепторы растений, такие как фитохромы и фототропины, обеспечивают восприятие различных длин волн и регулируют физиологические процессы [2]. Современные исследования показали, что комбинация различных спектров позволяет оптимизировать рост растений в условиях спидбридинга.

Методика исследования включала комплексный подход к оценке влияния световых режимов на фенологические и морфобиологические характеристики сортов сои. Особое внимание было уделено изучению динамики прохождения фенологических фаз и показателей продуктивности. Семена сои высевались в отдельные контейнеры с питательным субстратом после предварительного протравливания препаратом Синклер (Август, Россия) в концентрации 2 мл препарата на 100 мл воды, экспозиция 60 минут. Для выращивания использовали пластиковые горшочки размером 9х9х10 см и объемом 500 мл. В качестве субстрата использовали торфяной питательный грунт «Агробалт-С» с регулярным внесением водорастворимого минерального удобрения Акварин каждые 3 дня. Первые 2-3 дня посеы были накрыты пленкой до момента начала прорастания семян, при круглосуточном освещении для предотвращения вытягивания всходов. Условия выращивания: короткий фотопериод 8 ч день и 16 ч ночь, температура +28°C днем и +25°C ночью, влажность воздуха 35-45%, интенсивность освещения составляла 650 мкмоль/м²/с. Для оценки влияния спектрального состава света, растения выращивали при 3-х вариантах освещения: добавление доли дальнего красного, красного и синего спектров. Рассматривались следующие показатели: количество дней до цветения, высота растения, среднее количество плодов с растения, среднее количество семян с растения, средняя масса семян с растения и масса 1000 семян.

Сроки наступления цветения варианте с добавлением дальнего красного спектра у всех сортов сильно задерживались по сравнению с красным и синим спектрами в составе света. В среднем по сортам цветение наступало через 40,6 дней после посева, наиболее продолжительное отмечалось у сорта Вита (55 дней). При воздействии синего и красного спектра цветение наступало в среднем на 31,7 день. Наиболее раннее цветение (27 дней) наблюдалось у сорта Ланцетная в условиях синего света.

Растения по высоте при синем свете характеризовались как более компактные, с укороченными междоузлиями, меньшим диаметром стебля у основания и более низкой высотой растений: от 47,5 см у сорта Дока до 74,2 см – Припять. Красный свет показывает промежуточные значения по высоте и продуктивности, но с заметно большим диаметром стебля по сравнению с синим светом. Дальний красный способствует вытягиванию растений, они характеризуются удлиненными междоузлиями и утолщенным основанием стебля. В этих условиях высота растений достигает 116,1 см (сорт Припять), а длина междоузлий от 8 до 11 см. Аналогичное влияние оказывает спектральный состав света и на высоту прикрепления нижнего боба: на синем и красном спектрах около 30-35 см, на дальнем красном – в среднем 51 см.

Отмечено стимулирующее воздействие синего света на показатели продуктивности сортов сои, такие как количество плодов, семян и масса семян с 1 растения. Размеры семян сои варьируют от очень мелких с массой 1000 семян 60-100 г, до очень крупных (более 310 г) с преобладанием семян среднего размера — 150-200 г. В нашем опыте наиболее крупные семена с массой 140-160 г были собраны с сортов Сибириада-20, Аванта, Артика, Акардия и Дока, выращенные под синим и красным светом. Семена, собранные с растений под дальним красным светом, отличались наименьшей массой (на 30-40%), не превышающей 100 г, за исключением сорта Сибириада-20 (140,7 г). В целом, количество семян, собранных с 1 растения в условиях синего света, было на 46% выше, а в условиях красного – на 67% выше по сравнению с дальним красным. Наиболее однородными по показателям

продуктивности семян вне зависимости от условий освещения оказались сорта Артика, Сибириада-20 и Фавор, у которых различия по этим показателям не превышали 10-15%, однако у сорта Фавор семена были одинаково мелкие во всех вариантах опыта.

Результаты наших наблюдений показали, что спектр света оказывал статистически значимое влияние на сроки наступления цветения, высоту растений, массу семян. Полученные данные подтверждают, что регулирование спектрального состава света может служить инструментом оптимизации фотопериодических реакций и продуктивности в программах ускоренного разведения растений (speed breeding). Оптимизация спектра освещения может стать эффективным инструментом для повышения эффективности технологий ускоренного выращивания растений. Результаты могут быть использованы при создании эффективных технологий выращивания сои в защищенном грунте и при проведении селекционной работы.

Работа выполнена при финансовой поддержке государственного задания FGUM-2025-0011.

Список литературы:

1. Watson A., Ghosh S., Williams M.J., Cuddy W.S., Simmonds J., Rey M.D., Hatta M.A.M., Uauy C., Boden S.A., Park R.F., Wulff B.B.H., Hickey L.T. Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. // Nat Plants. 2018;4(1):23-29. doi 10.1038/s41477-017-0083-8
2. Кульчин Ю.Н., Булгаков, В.П., Гольцова, Д.О., Субботин, Е.П. Оптогенетика растений - светорегуляция генетического и эпигенетического механизмов управления онтогенезом // Вестник Дальневосточного отделения Российской академии наук. 2020. №. 1(209). С. 5-25.

ВЛИЯНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО ФУНГИЦИДА, СОДЕРЖАЩЕГО ГРИБ *TRICHODERMA VIRIDE* НА БИОЛОГИЧЕСКУЮ АКТИВНОСТЬ ЛУГОВО-ЧЕРНОЗЕМОВИДНОЙ ПОЧВЫ

Косицына О.А.¹, Чагарова О.В.¹, Цимбал А.В.¹, Секрет Ю.М.², Кузнецова В.А.²

¹Федеральное государственное образовательное учреждение высшего образования
«Благовещенский государственный педагогический университет» (ФГБОУ ВО «БГПУ»),
Благовещенск, E-mail: ivanolga2005@mail.ru

²АО «Аметис», Благовещенск

Вопросы деградации почвы сельскохозяйственного назначения становятся все более актуальными. Одним из путей решения возникшей проблемы является применение средств химизации микробиологического происхождения [1]. Грибы рода *Trichoderma* в настоящее время активно используются в аграрном секторе в качестве биофунгицидов, т.к. продуцируют антибиотические вещества и гидролитические ферменты, разлагающие растительные остатки, уничтожают почвенные патогены [2]. Биологическую активность почвы важный показатель, позволяющий судить о процессах, протекающих с участием почвенных микроорганизмов и их активности [3, 4].

Цель исследования: изучение влияния препарата биологический фунгицид, содержащий гриб *Trichoderma viride* на биологическую активность лугово-черноземовидной почвы. Задачи исследования: оценить интенсивность дыхания и целлюлозоразрушающую способность почвы; определить общее микробное число групп микроорганизмов, участвующих в круговороте азота.

Объектом для исследования послужила лугово-черноземовидная почва КФХ «Прохладное», и КФХ «Ермолаев», Амурская область. Площадь опыта 10 га. Биологический фунгицид в жидком виде, содержащий гриб *Trichoderma viride* в количестве не менее 10^9 спор грибов (АО «Аметис») в дозе 3 л/га (расход рабочей жидкости 300 л/га) вносили в почву опрыскивателем Туман 2М сразу после уборки пшеницы с последующей заправкой на глубину пахотного слоя (20-22 см). Отбор почвенных проб проводили по стандартной методике в сентябре 2024-2025 гг.

Схема опыта: почва, обработанная биофунгицидом в жидком виде, содержащем гриб *Trichoderma viride* в количестве не менее 10^9 спор грибов (опыт); почва, не обработанная биопрепаратом (контроль).

Методика исследования включала определение целлюлозоразрушающей активности почвы аппликационным методом. Оценку биологической активности почв по целлюлозолитической способности почвы определяли по шкале предложенной Д.Г. Звягинцевым (% разложившегося полотна): очень слабая < 10 %, слабая – 10-30 %, средняя – 30-50 %, сильная – 50-80 %, очень сильная > 80 % [5]. Оценку интенсивности дыхания (ИД) проводили по количеству выделившегося CO_2 . Шкала оценки биологической активности по ИД, CO_2 (10 г/сутки): I очень слабая 0-5; II слабая 5-10; III средняя 10-15; IV высокая 15-25; V очень высокая > 25 [5, 6]. Выявление азотфиксирующих бактерий проводили на твёрдой среде Эшби; нитрифицирующих бактерий в жидких средах Виноградского (первая и вторая фаза нитрификации); аммонификаторов-анаэробов на МПА [7]. Результаты таксономической принадлежности аммонификаторов и азотфиксаторов получили с использованием оборудования ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ.

Лугово-черноземовидные почва Амурской области является наиболее продуктивными почвами региона и интенсивно используются в сельском хозяйстве. Они характеризуются слабой микробиологической активностью вследствие глубокого промерзания в холодный период и медленного оттаивания в тёплый [8]. Исследуемая почва характеризуется слабой интенсивностью дыхания. В варианте с обработкой почвы биофунгицидом ИД составила 8,3 CO_2 (10 г/сутки), в контрольном 6,8 CO_2 (10 г/сутки). Обработка почвы биопрепаратом, содержащим гриб и споры гриба *Trichoderma viride* на 22 % повышает интенсивность дыхания почвы. Целлюлозолитическая способность лугово-черноземовидной почвы оценивается как слабая и очень слабая. Обработка почвы препаратом, содержащим гриб и споры гриба *Trichoderma viride* на 73 % повышает ее целлюлозолитическую способность по сравнению с контрольным вариантом. Следовательно, внесение биофунгицида на основе гриба *Trichoderma viride* улучшает процессы разложения пожнивных остатков и как следствие активизируются микробиологические процессы в почве.

Микробиологический анализ показал наличие в почве аммонификаторов-анаэробов, причем наибольшее их число выявлено в опытном варианте ($7,8 \times 10^8$ КОЕ/г), следовательно, процессы разложения органического вещества идут быстрее при обработке почвы препаратом, содержащим гриб и споры гриба *Trichoderma viride*. Колонии сформировались морщинистые, белесые, округлой формы с ровным краем. В мазке форма клеток палочковидная, спорообразующие. Споры овальные, располагаются центрально, терминально и субтерминально. Грамположительны. В почве выявлены бактерии рода *Bacillus. sp.* Во всех вариантах опыта выявлены нитрифицирующие бактерии. При реакции с дифениламином в присутствии концентрированной серной кислоты получена интенсивно синяя окраска (очень сильная) в варианте с обработкой почвы биофунгицидом (2×10^5 КОЕ/г). В контрольном варианте окраска культуральной жидкости характеризовалась как средняя (окраска культуральной жидкости с дефиниламином в присутствии концентрированной серной кислоты – синяя). В опытном и контрольном вариантах выявлено наличие *Paenibacillus sp.* В почве, обработанной биофунгицидом (опыт) численность азотфиксаторов составила 5×10^6 КОЕ/г, в контрольном 4×10^6 КОЕ/. На поверхности среды сформировались бесцветные слизистые вязкие колонии округлой формы с ровными краями. В мазках присутствуют спорообразующие грамположительные палочки.

Список литературы:

1. Дегтярева Е.А., Виноградова К.А., Александрова А.В., Филоненко В.А., Кожевин П.А. Почвенные актиномицеты как потенциальные биофунгициды // Вестник Московского университета. Серия 17. Почвоведение. 2009. №2. С. 22-26.
2. Промышленное применение грибов рода *Trichoderma* / Ф.К. Алимова. – Казань : Казанский государственный университет им. В.И. Ульянова-Ленина, 2006. 209 с.
3. Нечаева Е.Х. Параметры оценки биологической активности почвы // Эпоха науки. 2015. № 4. С. 495-498.
4. Гринев Л.В. Сенькова Л.А., Мингалев С.К. Биологическая активность почвы // Аграрное образование и наука. 2019. № 2. С. 14-17.
5. Федорец Н.Г., Медведева М.В. Методика исследования почв урбанизированных территорий. – Петрозаводск : Карельский научный центр РАН, 2009. 84 с.
6. Аникеев В.В., Лукомская К.А. Руководство к практическим занятиям по микробиологии. – Москва : Просвещение, 1983. 127 с.
7. Улимбашев А.М., Занилов А.Х. Сравнительная оценка методов определения дыхания почвы. Возможности их использования в климатических проектах // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. 2022. № 2 (67). С. 83-90 doi:1024412/2078-1318-2022-2-83-90.
8. Система земледелия Амурской области: производственно-практический справочник / под общ. ред. д-ра с.-х. наук, проф. П.В. Тихончука. – Благовещенск : Изд-во Дальневосточного ГАУ, 2016. 570 с.

ДЛИТЕЛЬНОЕ АППАРАТНОЕ КУЛЬТИВИРОВАНИЕ КЛЕТОК ФАРМАЦЕВТИЧЕСКИ ЦЕННОГО ВИДА *POLYSCIAS FILICIFOLIA* (С.МООРЕ EX E.FOURN.) L.H. BAILEY – ПРОДУЦЕНТА ТРИТЕРПЕНОВЫХ ГЛИКОЗИДОВ

Тюрина Т.М.¹, Прудникова О.Н.¹, Клычников О.И.^{1,2},
Метальников П.С.¹, Титова М.В.¹

1 – Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН (ИФР им. К.А. Тимирязева РАН), 126276, Ботаническая 35, Москва, Россия; E-mail: ippras.ru

2 – Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, 119991, Ленинские горы 1, Москва, Россия

Polyscias filicifolia (С.Мооре ex E.Fourn.) L.H.Bailey из семейства *Araliaceae* – лекарственное растение Юго-Восточной Азии; этот вид включен во Вьетнамскую фармакопею, экстракты применяются в качестве тонизирующего, адаптогенного, нейропротекторного, антиоксидантного средства [1]. Богатый фитохимический профиль, включающий фенольные кислоты, флавоноиды и тритерпеновые гликозиды [2,3], и фармакологическая активность *P. filicifolia* обуславливают перспективность разработки на его основе промышленных биотехнологий получения ценных целевых соединений.

Целью работы являлось изучение роста и способности к синтезу тритерпеновых гликозидов суспензионной культуры клеток *P. filicifolia* при длительном (более года) непрерывном выращивании в барботажном биореакторе. Штамм выращивали в жидкой питательной среде по Шенку и Хильдебрандту (SH) с добавлением регуляторов роста 2,4-Д и кинетина в 20-литровых биореакторах в режиме «отъем суспензии-долив среды». Содержание полисциозидов в точках максимального накопления биомассы определяли методом УЭЖХ-ИЭР-МС на хроматографе ACQUITY UPLC H-Class PLUS (Waters, США) с колонкой ACQUITY UPLC BEH C18 (Waters).

В ходе мультицикла было осуществлено 18 циклов субкультивирования в течение 370 суток при сохранении высоких значений удельной скорости роста ($0,08 \pm 0,01$ сут⁻¹), жизнеспособности ($89,3 \pm 4,5\%$) и максимального накопления сухой массы клеток ($8,76 \pm 1,38$ г/л). Анализ показал присутствие в клетках 12 соединений олеанановых гликозидов и их изомеров общим содержанием до 21,71 мг/г сухого веса. Была выявлена тенденция к колебаниям синтеза индивидуальных соединений и незначительному уменьшению суммы полисциозидов с течением времени. Полученные результаты демонстрируют перспективность использования штамма *P. filicifolia* для дальнейшей разработки промышленной биотехнологии получения целевых биологически активных соединений.

Литература

1. The genus *Polyscias* (Araliaceae): A phytochemical and biological review /N. S. Ashmawy, H. A. Gad, M. L. Ashour [et al.] // Journal of Herbal Medicine. 2020. 100377. doi:10.1016/j.hermed.2020.100377
2. Anti-inflammatory and Antioxidant activities of *Polyscias filicifolia* saponins / C. Madhu Divakar [et al.] // Der Pharmacia Lettre. 2010. Vol. 2 (1), P. 41-47.

3. Assessment of cytotoxic and genotoxic activity of alcohol extract of *Polyscias filicifolia* shoot, leaf, cell biomass of suspension culture and saponin fraction / J. Marczevska, E. Drozd, J. Drozd, E. Anuszevska [et al.] // *Acta Poloniae Pharmaceutica*. 2011. Vol. 68 (5). P. 703-710. doi:10.5586/asbp.3586

СПОСОБ ПОЛУЧЕНИЯ РАСТЕНИЙ *MISCANTHUS X GIGANTEUS* В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

Усачев Д.В.^{1,2}, Калинина А.А.¹, Аверина А.В.

1 – ФГБОУ ВО «Нижегородский государственный технический университет им. Р.Е.Алексеева», Нижний Новгород 603155; E-mail: nntu@nntu.ru

2 – ООО «Меристема», Нижний Новгород 603116; E-mail: info@merlab.ru

Miscanthus x giganteus – перспективное многолетнее корневищное травянистое растение, принадлежащее к семейству Злаки (Poaceae) и являющееся стерильным гибридом *Miscanthus sinensis* и *Miscanthus sacchariflorus* [1]. С биологической точки зрения, мискантус гигантский характеризуется мощной корневой системой, достигающей глубины до 4 метров, высокой биомассой (до 40 тонн сухого вещества с гектара) и продолжительным периодом вегетации, что обеспечивает его высокую продуктивность. Благодаря этим особенностям, *Miscanthus x giganteus* рассматривается как перспективная культура для различных областей применения, а именно при производстве биотоплива [3], в энергетике [7], строительстве [2], сельском хозяйстве [4], целлюлозно-бумажной промышленности [1]. Несмотря на многочисленные преимущества, широкое внедрение *Miscanthus x giganteus* ограничено сложностями, связанными с его размножением. Гибрид является стерильным, поэтому семенное размножение невозможно. Традиционные методы вегетативного размножения, такие как деление корневищ, требуют значительных затрат ручного труда, занимают много времени и приводят к низкой скорости размножения [6]. В связи с этим, разработка эффективных методов микроклонального размножения (*in vitro*) является важной задачей, направленной на масштабное получение генетически однородного и здорового посадочного материала *Miscanthus x giganteus*.

С целью интенсификации процессов микроразмножения был проведен эксперимент, в котором изучалось влияние различных условий стерилизации растительного материала на этапе ввода в культуру, исследовались различные комбинации тидиазулона (ТДЗ) на этапе размножения побегов, а также этапы укоренения и адаптации. В результате разработан протокол микроклонального размножения мискантуса, который включает в себя:

- 1) ступенчатую стерилизацию интеркалярных побегов на этапе инициации культуры *in vitro* с применением растворов фунгицида, гипохлорита, спирта и пероксида водорода;
- 2) использование питательной среды MS [5] с добавлением 0,05 мг/л ТДЗ и 3 мг/л 6-бензиламинопурина (6-БАП) на этапе собственно микроразмножения, с чередованием пассажей со средой, свободной от ТДЗ;

3) эффективное укоренение с использованием половинной питательной среды MS, дополненной индолилмасляной кислотой (ИМК) в концентрации 0,5 мг/л, что обеспечило 95% приживаемость эксплантов в условиях *ex vitro*.

Полученные результаты позволяют оптимизировать процесс микроклонального размножения *Miscanthus x giganteus*, что является важным шагом на пути к масштабному производству посадочного материала этой перспективной энергетической культуры.

Список Литературы

- 1) Капустянчик, С.Ю. Мискантус – перспективная сырьевая, энергетическая и фитомелиоративная культура (литературный обзор) / С.Ю. Капустянчик, В.Н. Якименко // Почвы и окружающая среда. – 2020. – Т. 3. №3. – С. 126 –139.
- 2) Euring, M. Potentials and limitations of *Miscanthus* as feedstock for insulation materials / M. Euring, A. Schirp, I. Lewandowski // *Industrial Crops and Products*. – 2012. – 35(1). – P. 194-202
- 3) Lewandowski, I. *Miscanthus*: European experience with a novel energy crop / I. Lewandowski, J.C. Clifton-Brown, A.G. Souch, A. Heinz // *Biomass and Bioenergy*. – 2000. – 19(4). – pp. 209-227.
- 4) McIsaac, G.F. Runoff and soil loss from corn soybean and *Miscanthus* species using RAPD markers / G.F. McIsaac, W.M. Edwards // *Journal of Soil and Water Conservation*. – 2009. – 64(3). – pp. 188-197.
- 5) Murashige, T. A revised medium for rapid growth and bio assays with Tobacco Tissue Cultures // T. Murashige, F. Skoog // *Physiologia Plantarum*. – 1962. – 15. – pp.473-497.
- 6) Somleva, M.N. Assessment of genetic diversity in *Miscanthus* species using RAPD markers / M.N. Somleva, A.K. Bhatnagar, A.S. Tsaftaris // *Biomass and Bioenergy*. – 2008. – 32(10). – pp. 961-967.
- 7) Peric, M.M. Diesel production by fast pyrolysis of *Miscanthus Giganteus*, well-to-pump analysis using the greet model. / M.M. Peric, M.S. Komatina, D.L. Antonievic, B.M. Bugarski, Z.S. Dzeletovic // *Thermal Science*. – 2018. – 23(1). – pp. 365-378.

ТРИТИКАЛЕ КАК ОБЪЕКТ ИЗУЧЕНИЯ НАСЛЕДОВАНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ К ВОЗБУДИТЕЛЮ СТЕБЛЕВОЙ РЖАВЧИНЫ

Дудникова К.Ю.^{1,2}, Дудников М.В.¹, Баранова О.А.³

***1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии», (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;***

***2 – ФГБНУ «Федеральный научный центр биологической защиты растений»
(ФГБНУ ФНЦБЗР)***

***3 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
защиты растений» (ФГБНУ ВИЗР), Санкт_Петербург***

E-mail: saenkok1997@yandex.ru

Применение молекулярных маркеров (MAS) многократно демонстрировало свою высокую эффективность и практическую ценность в рамках разработки селекционных программ, включающих схемы скрещивания родительских форм с идентифицированными ценными признаками, беккроссирования, а также при селекции растений по характеристикам, наследование которых затруднено для отслеживания из-за их полигенного характера проявления, например, устойчивости к болезням [1]. Тритикале является гибридом, полученным в результате селекции пшеницы и ржи, является интересной зерновой культурой с точки зрения оценки наследования устойчивости к возбудителям болезней. Одним из важных направлений исследований является изучение устойчивости сельскохозяйственных культур к различным патогенам, в том числе к стеблевой ржавчине. Поскольку еще до недавнего времени тритикале, характеризовалась высокой устойчивостью, в том числе к возбудителю стеблевой ржавчины [2].

В исследование включили яровые формы тритикале отечественной и иностранной селекции, к которым, на базе ключевых генов устойчивости к возбудителю стеблевой ржавчины (Sr-генов), используемых в международных селекционных программах, была проведена оценка устойчивости тритикале с использованием молекулярных маркеров. Выявлены генотипы с идентифицированными генами устойчивости: *Sr2*, *SrAmigo*, *Sr31*, *Sr50*. С применением метода фитопатологической оценки устойчивости было проведено изучение типа реакции яровой тритикале в ответ на заражение Поволжскими популяциями *Pgt*. Таким образом, по результатам исследований, проведя браковку по генотипу, были отобраны крайне устойчивые и восприимчивые линии тритикале, для участия в гибридизации.

В настоящее время проводится большая работа по скрещиванию и получению гибридов F2. Ожидаемые результаты включают анализ гибридов F2, что позволит выявить

закономерности наследования признака генетической устойчивости к возбудителю. В ходе работы предполагается определить степень наследуемости устойчивости, выявить возможные доминантные и рецессивные аллели, а также оценить вариабельность признака в гибридных популяциях. Это даст возможность установить генетическую основу устойчивости, определить потенциальные генотипы, обладающие высокой степенью устойчивости.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ №: 25-26-00317.

Список литературы:

1. Acquaah G. Principles of plant genetics and breeding. – John Wiley & Sons, 2009.
2. Bender C.M., Boshoff W.H.P., Pretorius Z.A. Infection and colonization of triticale by *Puccinia graminis* f. sp. tritici // Can. J. Plant Pathol. 2021. Vol. 43. P. 198–210. DOI:10.1080/07060661.2021.1931453

ВЛИЯНИЕ КОМПОНЕНТОВ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД, СОЗДАЮЩИХ СЛАБОЕ СТРЕССОВОЕ ВОЗДЕЙСТВИЕ, НА РАЗВИТИЕ, ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ И АДАПТАЦИЮ РАСТЕНИЙ ВИНОГРАДА В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

Вялков В.В.¹, Сундырева М.А.¹, Ребров А.Н.

***1 - ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства,
виноградарства, виноделия» (ФГБНУ СКФНЦСВВ), Краснодар 350901; E-mail:
kubansad@kubannet.ru***

***2 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт виноградарства и
виноделия имени Я.И. Потапенко» (ФГБНУ ВНИИВиВ имени Я.И. Потапенко),
Новочеркасск 346421; E-mail: ruswine@yandex.ru***

Согласно федеральному закону о виноградарстве и виноделии в Российской Федерации № 468-ФЗ от 27 декабря 2019 года, виноградарство определяется как одно из приоритетных направлений в аграрной политики России. Закономерное расширение площадей виноградников приводит к росту спроса на качественный исходный посадочный материал, что, в свою очередь, приводит к росту площадей маточных насаждений. Для последних, в качестве посадочного материала подходят минимально заражённые патогенными микроорганизмами растения (ГОСТР 53025 - 2008), одним из основных способов получения которых является микрклональное размножение. Однако, растения,

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

полученные таким образом имеют специфические адаптации к условиям *in vitro*, увеличивающие вероятность гибели растений при переводе их в условия *ex vitro* [1, 2, 3, 4]. Для минимизации потерь растения, в течение первых недель после переноса в нестерильные условия создаются особые условия, предполагающие поддержание высокой влажности, стабильной температуры и регулярный полив. Модификация условий выращивания в культуре *in vitro*, вызывающая слабые стрессовые реакции у растений, может способствовать преадаптации растений к естественным условиям ещё в культуре *in vitro* и сокращению длительности адаптации при переносе в *ex vitro*. Наиболее распространёнными веществами, выступающими в качестве стрессовых факторов, выступают: NaCl (засоление) и полиэтиленгликоль (ПЭГ) (осмотический стресс). Добавление этих веществ в состав питательной среды используется как способ оценки устойчивости сортов к абиотическим стрессорам в культуре *in vitro* [5; 6; 7]. Абсцизовая кислота (АБК) является одним из ключевых регуляторов ответной реакции растений на абиотический стресс [8]. Таким образом, целью работы стало изучение реакций растений винограда в культуре *in vitro* и эффективности их адаптации в условиях *ex vitro* после слабых стрессовых воздействий, создаваемых добавлением в питательную среду ПЭГ, NaCl и АБК на этапе укоренения.

В качестве объекта исследования использовали сорта Кандаваста и Красностоп золотовский. На этапе укоренения, экспланты высаживали на твёрдую питательную среду Мурасиге-Скуга добавлением 0,1 мг/л ИУК. Варианты питательных сред, создающие слабое стрессовое воздействие, содержали 0,5% полиэтиленгликоля высокомолекулярного (марки ПЭГ-600), 10 mM хлористого натрия NaCl и 0,1 mM абсцизовой кислоты. Продолжительность культивирования растений 8 недель, по окончании которых растения высаживали в почвенный субстрат. Эффективность адаптации оценивали, измеряя процент приживаемости растений и прирост надземной части в течение 90 дней. Кроме того, для более точной оценки реакции растений на выбранные добавки был измерен ряд физиологических показателей: общее содержание фотосинтетических пигментов, малонового диальдегида (МДА), растворимых сахаров и крахмала.

Добавление ПЭГ и АБК в состав питательной среды привело к снижению темпов роста растений на 30% относительно контроля уже на этапе укоренения в культуре *in vitro*, тогда как добавление NaCl на рост растений практически не повлияло. Итоговая приживаемость растений была в пределах 90–95% во всех вариантах у обоих сортов. У обоих сортов к 90 дню измерений наилучшие результаты продемонстрировали растения,

выращенные на питательных средах с NaCl и АБК (длина стебля, в среднем, оказалась больше контроля на 15–20%, число листьев на 13%, а средняя площадь листа на 20%).

Содержание растворимых сахаров и крахмалла в растениях обоих сортов при всех вариантах добавок демонстрировало общую тенденцию: рост содержания растворимых сахаров относительно контроля на 5–10%, одновременно со снижением содержания крахмалла на 18–20%. При этом наибольшие отличия от контроля наблюдались в вариантах с использованием АБК. Содержание хлорофиллов сильно различалось в зависимости от сорта: у Кандаваста при добавлении NaCl содержание хлорофиллов снижалось на 39% и на 48% в случае с ПЭГ, тогда как добавление АБК привело лишь к снижению лишь на 14%. У сорта Красностоп Золотовский наоборот: сумма хлорофиллов в листьях растений, выращенных на питательной среде с добавками, оказалась выше контроля: на 21% больше для ПЭГ, на 43% для NaCl и на 3% для АБК. У обоих сортов содержание каротиноидов практически не менялось в ответ на исследуемые добавки за одним исключением: у растений сорта Кандаваста присутствие ПЭГ в составе питательной среды привело к росту содержания каротиноидов на 47%. Содержание МДА у растений сорта Красностоп Золотовский, выращенных на исследуемых с добавлением NaCl и АБК содержание МДА было увеличено более чем в 2 раза. У сорта Кандаваста содержание МДА практически не изменялось относительно контроля.

Таким образом можно сделать вывод, что и NaCl и АБК положительно влияют на рост и адаптацию растений винограда при переводе из культуры *in vitro* в *ex vitro*, но АБК вызывает сильную стрессовую реакцию и может приводить к более выраженной сортоспецифичной реакции, поэтому NaCl является более универсальным вариантом стимулирующей добавки в состав питательной среды для повышения адаптивных способностей винограда в культуре *in vitro*.

Список литературы

1. Трунов И. А., Хорошкова Ю. В. Оптимизация условий роста микрорастений садовых культур на этапе адаптации //Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2020. – №. 1. – С. 90-97;
2. Hazarika B. N. Morpho-physiological disorders in *in vitro* culture of plants //Scientia horticulturae. – 2006. – Т. 108. – №. 2. – С. 105-120;
3. Zhou Q. et al. Effects of CO₂ on transplantation of grape plantlets cultured *in vitro* by promoting photosynthesis //Scientia Horticulturae. – 2021. – Т. 287. – P. 110286;

4. Mahendra R. et al. Ex-vitro establishment of tissue cultured plants in fruit crops-A review //Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci. – 2020. – Т. 9. – С. 3321-3329;
5. Pérez-Jiménez M., Pérez-Tornero O. *In vitro* plant evaluation trial: Reliability test of salinity assays in citrus plants //Plants. – 2020. – Т. 9. – №. 10. – С. 1352;
6. Ahmed H. A. A. et al. Variability in salinity stress tolerance of potato (*Solanum tuberosum* L.) varieties using in vitro screening //Ciência e Agrotecnologia. – 2020. – Т. 44. – С. 184-202;
7. Alebidi A I, Al-Saif A M, F. Abdel Aziz H, et al. In Vitro Drought Tolerance of Some Grape Rootstocks. Journal of Ecological Engineering. 2024;25(4):184-202. doi:10.12911/22998993/184183;
8. Abdullah H. M. et al. Increased cuticle waxes by overexpression of WSD1 improves osmotic stress tolerance in *Arabidopsis thaliana* and *Camelina sativa* //International journal of molecular sciences. – 2021. – Т. 22. – №. 10. – С. 5173.

О НЕКОТОРЫХ ПРОБЛЕМАХ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ ТКАНЕЙ ЛЮПИНА УЗКОЛИСТНОГО (*LUPINUS ANGUSTIFOLIUS*) *IN VITRO*

Жгунов И. С.¹, Мартиросян Л. Ю.^{1,2}, Лысенко Д. А.¹, Мартиросян Ю. Ц.¹

1-ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии», Москва 127550; ivanland@mail.ru

2-ФГБУН Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН,
119334 Россия, г. Москва, ул. Косыгина, 4, levon-agro@mail.ru

Одной из важнейших проблем как при выращивании люпина узколистного, так и при лабораторных работах с ним в культуре *in vitro* является его подверженность заражению фитопатогенами различной природы, способными передаваться с семенами. В сельском хозяйстве поражение грибными патогенами способнократно снизить или полностью уничтожить урожай [1, 2]. При этом в культуре *in vitro* патогены могут захватывать питательную среду и/или ткани экспланта, вызывая его гибель, также эндофитные микроорганизмы могут существенно активизировать свою деятельность и рост в т.ч. под действием регуляторов роста растений, что также приводит к нарушению регенерационных процессов и к гибели эксплантов.

В лабораторной практике для борьбы с патогенами применяют различные физические (прежде всего, термическая обработка) и химические (различные пестициды и антибиотики) методы предпосевной обработки семян.

Ранее нам удалось установить, что термическая обработка семян люпина узколистного при температуре до 100°C перед их введением в культуру *in vitro* позволяет подавить часть фитопатогенов, в основном грибных [2, 3]. Также было установлено, что слишком резкие перепады температуры губительны для семян, поэтому было принято решение перейти к постепенному ступенчатому нагреву при термотерапии [3].

В рамках данной работы процесс термотерапии был дополнительно оптимизирован: перешли к ступенчатому нагреву до температуры в 80°C или сразу до конечной температуры 100°C в течение 1 суток, а не нескольких дней.

Также были использованы варианты термотерапии с провокацией. При этом семена предварительно выдерживали при температуре 60°C в течение 3 суток, после чего температуру снижали до 30°C на 1 сутки, после чего вновь ступенчато повышали уже до конечной температуры. Такой подход должен был провоцировать прорастание грибных и/или бактериальных спор для их дальнейшего уничтожения в процессе термообработки.

Как сообщалось ранее [2, 3], термотерапия позволяет подавить некоторые семенные патогены грибной природы, включая грибы рода *Colletotrichum*. Эти данные были подтверждены микробиологическими исследованиями. Так из семян контрольной группы, не подвергаемых термообработке, были выделены грибы, включая *Alternaria alternata* (вид определён посредством секвенирования) – возбудитель альтернариоза. Влияние термообработки семян на эндопатогены бактериальной природы требует дополнительного исследования.

Для оценки эффективности процессов оздоровления требовалось также подобрать методику объективной оценки состояния эксплантов. Известно, что типичным ответом растений на стресс, в том числе на заражение патогенными микроорганизмами, является выделение фенольных соединений, которые играют важную роль в защите растений от патогенов [4]. В таком случае для оценки состояния эксплантов в культуре *in vitro* можно использовать данные о содержании фенольных соединений в тканях экспланта и в питательной среде к концу пассажа.

Был проведён эксперимент, чтобы оценить и сравнить динамику накопления фенольных соединений в тканях эксплантов и питательной среде в процессе культивирования у эксплантов, полученных из оздоровленных семян и из контрольной группы семян, не проходивших термообработку. Семена из опытной группы проходили термотерапию с однократной провокацией: семена выдерживали при температуре 60°C в течение 3 суток, после чего на сутки температуру снижали до 30°C, а затем ступенчато поднимали температуру до 45°C, 60°C, 80°C и, в итоге, до 100°C. Длительность каждого из интервалов повышения температуры составляла 2 часа, после этого семена выдерживали при температуре 100°C ещё 1 сутки. Семена из опытной и контрольной групп перед введением в культуру *in vitro* подвергали поверхностной асептизации посредством часовой обработки в растворе (5 об. %) препарата ПМГК «Април» (Альтерхим-Про) и шестикратным промыванием семян стерильной дистиллированной водой в течение 5 мин.

Семена проращивали на агаризованной среде по стандартной прописи Мурашиге-Скуга (MS) с добавлением витаминов по прописи Бутенко.

Из полученных проростков были выделены экспланты следующих типов: гипокотили, корни, семядольные листья. Выделенные экспланты высаживали на агаризованную среду ½ MS с добавлением витаминов по Бутенко, 2% сахарозы, 2 мг/л 6-БАП и 0,2 мг/л α-НУК, соблюдая биологическую повторность в 5 чашек. Экспланты культивировали в течение 30 суток при температуре 24 ± 2°C и фотопериоде 18/6 ч.

Спустя 15, 20, 25 и 30 суток после посадки эксплантов отбирали пробы среды и тканей эксплантов разных типов. Содержание фенольных соединений определяли колориметрическим методом с помощью реакции с реактивом Фолина-Чокальтеу, по модифицированной методике из Николаева Т.Н., Лапшин П.В., Загоскина Н.В. [5].

При культивировании растительных тканей *in vitro* мы наблюдали потемнение и некроз, что совпадает с данными других исследователей [4], обусловленные окислением фенольных соединений, выделяемых в питательную среду. Для определения количества и состава антиоксидантов необходимо было выяснить динамику выделения фенольных соединений, в зависимости от видов экспланта и состава культуральной среды.

Было показано, что образцы в контрольной группе демонстрировали более быстрое накопление фенольных соединений и выраженные признаки некротических изменений в тканях эксплантов. В результате сравнительного анализа установлено, что в экстрактах, полученных спустя 30 дней культивирования, из эксплантов опытной группы содержание суммы фенольных соединений (в пересчете на эквивалент галловой кислоты) в среднем ниже на 66% (73% гипокотиль, 67% корень, 59% семядольный лист) по сравнению с

экстрактами из эксплантов контрольных растений из семян, не подвергавшихся термотерапии. Аналогично, в случае экстрактов из питательных сред наблюдаем снижение содержания фенольных соединений на 8-46% (42% гипокотиль, 8% корень, 46% семядольные листья) по сравнению с контрольной группой.

В дальнейшем планируется изучение влияния различных антиоксидантов и их сочетаний на предотвращение образования фенольных соединений, а также на регенерационные процессы в культуре тканей люпина.

Список литературы:

1. Thomas G. J., Sweetingham M. W. Cultivar and environment influence the development of lupin anthracnose caused by *Colletotrichum lupini* //Australasian plant pathology. – 2004. – Т. 33. – С. 571-577.
2. Samad S. et al. Insights into the Pathogenic Mechanisms and the Control Strategies of Anthracnose in Lupins—A Comprehensive Review. – 2023.
3. Жгунов И.С., Мартиросян Л.М., Лысенко Д.А. и др. Термо- и химиотерапия семян в борьбе с фитопатогенами *Lupinus Angustifolius* в процессе введения в культуру *in vitro*. //Фитосанитария. Карантин растений. – 2024. – №4SB (20С). – С. 27-28.
4. Ozyigit, I. I. Phenolic changes during in vitro organogenesis of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) shoot tips. //African Journal of Biotechnology – 2008. – Vol. 7(8). – PP. 1145-1150.
5. Николаева Т. Н., Лапшин П. В., Загоскина Н. В. Метод определения суммарного содержания фенольных соединений в растительных экстрактах с реактивом Фолина-Дениса и реактивом Фолина-Чокальтеу: модификация и сравнение. //Химия растительного сырья. – 2021. – №2. – С. 291-299.

ДИНАМИКА ИЗМЕНЕНИЯ СОДЕРЖАНИЯ ПОЛИФЕНОЛОВ В ЖЕЛУДЯХ ДУБА ЧЕРЕШЧАТОГО И ДУБА КРАСНОГО ПРИ ПРОРАСТАНИИ В УСЛОВИЯХ ВОДНОГО СТРЕССА

Зятева Е.С., Лебедев В.Г.

*Филиал Федерального государственного бюджетного учреждения науки
Государственного научного центра Института биоорганической химии им.
академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (Филиал
ГНЦ ИБХ РАН), Пушкино 142290; E-mail: liza_zyateva@mail.ru*

Глобальное изменение климата приводит к увеличению частоты и интенсивности засушливых периодов [1]. Растения в условиях водного дефицита, как правило, повышают концентрации фенольных соединений, которые защищают их от повреждений, вызванных действием свободных радикалов и активных форм кислорода [2]. Подобные исследования обычно проводят на сеянцах и более поздних стадиях развития растений, но мало что известно о динамике содержания фенольных соединений в процессе прорастания семян в условиях засухи.

В исследовании использовали желуди двух видов дуба: европейского – д. черешчатого (*Quercus robur* L.) и североамериканского – д. красного (*Q. rubra* L.), которые проращивали в перлите при увлажнении водой или растворами полиэтиленгликоля (ПЭГ) различной концентрации (10%, 20% и 30%) для имитации водного стресса. Для повышения дружности прорастания у желудей удаляли одну треть перикарпа. Анализы проводили на четырех стадиях прорастания желудей: до увлажнения (сухие), через 48 ч увлажнения, при достижении длины проростков 5 и 20 мм. В образцах определяли содержание воды, общих фенолов, флавоноидов и танинов, а также оценивали антиоксидантную активность методами DPPH, ABTS и FRAP.

При увлажнении водой желуди д. черешчатого проросли с частотой 83%, а обработка ПЭГ постепенно снижала всхожесть, которая составила 67, 36 и 20% при концентрации 10, 20 и 30%, соответственно. Всхожесть желудей д. красного была несколько выше, чем д. черешчатого в вариантах с водой (91%) и 10% ПЭГ (71%), но значительно ниже при 20% ПЭГ (19%) и 30% ПЭГ (2%). Изначально желуди д. красного содержали на 12-23% больше общих фенолов и флавоноидов, чем д. черешчатого. Через 48 ч увлажнения водой их содержание не изменилось, но оно выросло при использовании ПЭГ. В дальнейшем содержание фенолов и флавоноидов у желудей д. черешчатого не изменялось, но возрастало у д. красного. В процессе прорастания доля танинов в общих фенолах у желудей д. черешчатого составляла 90-92%, тогда как у д. красного – 84-88%. Антиоксидантную активность измеряли в мкМ тролокс/г сухого веса и по методу FRAP она была несколько выше, чем по DPPH, но значительно ниже, чем по ABTS. У желудей д. красного антиоксидантная активность была в среднем в полтора раза выше, чем у желудей д. черешчатого.

В настоящее время проводятся работы по идентификации индивидуальных фенольных соединений в желудях обоих видов дуба на различных стадиях прорастания.

Список литературы:

1. Chiang F., Mazdiyasni O., AghaKouchak A. Evidence of anthropogenic impacts on global drought frequency, duration, and intensity. *Nature Communications*. 2021. 12:2754.
2. Sharma A., Shahzad B., Rehman A., Bhardwaj R., Landi M., Zheng B. Response of phenylpropanoid pathway and the role of polyphenols in plants under abiotic stress. *Molecules*. 2019. 24:2452.

ОСОБЕННОСТИ ВЛИЯНИЯ КРАСНОГО И ДАЛЬНОГО КРАСНОГО СВЕТА НА ПРОДУКЦИОННЫЙ ПРОЦЕСС РАСТЕНИЙ (НА ПРИМЕРЕ САЛАТА-ЛАТУКА)

Анисимов А.А., Авакумов А.Д., Махинова Е.Ю.

***ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А.
Тимирязева», 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, 49,***

E-mail: anisimov_a@rgau-msha.ru

Светокультура является мощным и интересным инструментом в руках физиолога растений, при помощи которого можно эффективно управлять продукционным процессом растений. При этом возможности управления в контролируемых условиях среды в системах интенсивного культивирования несоизмеримо выше по сравнению с полевыми условиями [1].

Изучение вопросов, связанных со светокультурой растений – одно из основных направлений работы лаборатории искусственного климата кафедры физиологии растений РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева. Одно из удобных модельных растений для изучения в условиях светокультуры и системы интенсивного культивирования – это салат-латук [2].

Один из интереснейших аспектов влияния света на растение – регуляторное. В этом ключе важнейшим показателем качества света является соотношение в его спектре красного и дальнего красного света [3]. В нашей работе мы изучали влияние красного и дальнего красного света на продукционный процесс растений салата-латука сортов Афицион и Кармези.

Растения выращивали в гидропонной системе периодического подтопления: Температура круглосуточно поддерживалась на уровне +23°C, субстрат – кубики из минеральной ваты. Питательный раствор с добавлением макро- и микроэлементов в минеральной и органической форме готовили самостоятельно. Смену питательного раствора проводили еженедельно. Периодичность подачи питательного раствора – 1 раз в два часа. Фотопериод – 18 часов. Источники света – узкополосные светоизлучающие диоды. При установке светового режима исходили из цели оценить действие добавления к белому свету красного (650 нм) и дальнего красного света (740 нм) на продукционные процессы салата-латука при сходных показателях плотности потока фотонов. Растения выращивали до стадии товарной спелости, которая наступила на 35 день от всходов.

Добавление в спектр света красного света увеличивает товарность получаемой продукции салата-латука, так как растения в условиях освещения данным вариантом света формировали более плотную и крупную розетку листьев. При этом с точки зрения морфологии листа значимых различий между вариантами выявлено не было. Однако стоит отметить сорт Кармези, выращенный в условиях добавления в спектр дальнего красного света, у которого листовая пластинка характеризуется более высокой выраженностью гофрированности.

Салат сорта Кармези, выращенный при добавлении в спектр дальнего красного света, накопил большее количество антоцианов и характеризовались более яркой и насыщенной фиолетовой окраской листьев. Сорт Афицион не накапливает антоцианы при любом из вариантов освещения. Урожайность двух сортов салата при выращивании в

условиях дальнего красного света не отличалась между собой и достигала уровня 3,1–3,3 кг/м². В условиях красного света урожайность обоих сортов салата превысила таковую в условиях дальнего красного света. При этом сорт Кармези оказался наиболее урожайным – до 4 кг/м².

Условия добавления красного света в спектр лампы оказались более благоприятными для реализации потенциала продуктивности салата-латука обоих изученных сортов, однако дальний красный свет стимулирует накопление вторичных метаболитов – антоцианов у сорта Кармези, повышая тем самым биологическую ценность получаемой биомассы.

Библиографический список

5. Сухоруков, А. И. Методика выделения эндосимбионтов из листовых эксплантов *Vaccinium vitis-idaea* / А. И. Сухоруков, А. Д. Авакумов, Е. А. Чернятьева // Актуальные вопросы развития науки и технологий : Сборник статей молодых учёных, Караваево, 04 апреля 2024 года. – Караваево: Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Костромская государственная сельскохозяйственная академия", 2024. – С. 57-62.
6. The effect of the light spectral composition on the formation of vegetative mass of *Digitalis purpurea* L. Plants / A. N. Skorokhodova, O. O. Beloshapkina, A. A. Anisimov [et al.] // Phytofarm 2023 : Сборник материалов XXIV Международного Съезда, Санкт-Петербург, 25–27 мая 2023 года. – Санкт-Петербург: федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Санкт-Петербургский государственный химико-фармацевтический университет" Министерства здравоохранения Российской Федерации, 2023. – Р. 100.
7. Патент № 2819926 С1 Российская Федерация, МПК А01G 22/15, А01G 7/04. Способ выращивания салата-латука : № 2023134606 : заявл. 22.12.2023 : опубл. 28.05.2024 / А. А. Анисимов, Ю. С. Ларикова, А. Н. Скороходова [и др.] ; заявитель Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования "Российский государственный аграрный университет - МСХА имени К.А. Тимирязева".

ИЗУЧЕНИЕ РЕПРОДУКЦИИ КАЛЛУСНЫХ КЛЕТОК ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ IN VITRO

Бибяев Н.С.¹, Романова К.Э.², Товстыко Д.А.³, Воршева А.В.¹

1 – ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени К. А. Тимирязева» Технологический колледж (ФГБОУ ВО РГАУ — МСХА имени К. А. Тимирязева), Москва 127434; e-mail: nbibaev823@gmail.com

- 2 – **Российский государственный университет народного хозяйства имени В. И. Вернадского (РГУНХ Минсельхоза РФ), Московская область, Балашиха 143900, E-mail: romanova_ke@mail.ru**
- 3 – **ООО «Агрофирма Поиск», Московская область, Раменское 140153, E-mail: dastovs@yandex.ru**

Размножение растений пшеницы путем деления клеток каллуса в условиях *in vitro* представляет собой перспективное направление биотехнологических исследований. Метод рассматривается как инструмент, позволяющий потенциально ускорить селекционные процессы и сохранить генетическое разнообразие сельскохозяйственных культур.

Цель исследования: заключалась в оценке регенерационной способности каллусных клеток пшеницы (*Triticum aestivum* L.) сорта «Памяти Коновалова» в условиях *in vitro*.

Задачи исследования:

1. Создание оптимальных условий для выращивания каллусных клеток;
2. Мониторинг процесса репродукции каллуса;
3. Оценка эффективности размножения каллусных клеток.

Первый этап включал подготовку к проведению эксперимента. Сначала проводили отбор исходного материала и подготавливали питательную среду. Отбирали здоровые семена пшеницы сорта «Памяти Коновалова» на стадии прорастания. Семена и фрагменты побегов подвергали поэтапной стерилизации этанолом и раствором NaOCl. Для изучения регенерационной способности каллусных клеток пшеницы выбрали базовую питательную среду — Мурасиге и Скуга (МС).

В экспериментальных вариантах применяли различные комбинации фитогормонов: для стимуляции образования каллуса (2,4-Д), пролиферации (2,4-Д + 6-БАП), регенерации побегов (НУК + 6-БАП) и укоренения (НУК).

Экспланты помещали на поверхность среды (по 3 шт на чашку Петри) и инкубировали в световой комнате. Температура в помещении поддерживалась на уровне 24–26°C, интенсивность освещения была 2500 люкс, фотопериод 16 ч. За развитием каллусных клеток вели регулярное наблюдение в течение двух месяцев. Индукция каллуса происходила на 14–21 день от начала эксперимента, регенерация органов — на 28–36 день.

Результаты исследования:

Наиболее эффективное каллусообразование (100%) отмечено на среде с 1,0 мг/л 2,4-Д + 0,5 мг/л 6-БАП. Полученный каллус (за 30 дней) имел компактную структуру желтовато-белого цвета с эмбриогенными свойствами.

Частота каллусообразования 87% была отмечена на среде с 2,0 мг/л 2,4-Д. Полученный каллус имел хорошую форму и желтовато-белый цвет на 30 день.

Оптимальные условия регенерации побегов пшеницы также были обеспечены на среде с 2,0 мг/л 6-БАП. В данном варианте частота регенерации составила 82% с образованием новых побегов на дифференцированном каллусе.

Наиболее активное корнеобразование в сравнении с другими вариантами опыта, происходило на среде с 1,0 мг/л НУК. Эффективность в данном случае была 89%.

Адаптация регенерантов в горшках с почвенной смесью проходила хорошо. Выживаемость после 2 недель тепличного содержания была 82%.

Выводы:

Экспериментально доказано, что добавление различных комбинаций фитогормонов в питательную среду способствует повышению эффективности размножения клеток каллуса в условиях *in vitro*.

Оптимизация состава питательной среды с помощью правильного подбора концентраций фитогормонов может повысить показатели: инициацию и образование каллуса — до 100%; частоту каллусообразования — до 87%; регенерацию побегов — до 82%; укоренение побегов — до 89%.

Добавление в питательную среду фитогормонов обеспечило получение 25–40 полноценных растений пшеницы с каллуса за 2–3 субкультуры.

Данная технология является перспективным инструментом для массового клонального размножения элитных сортов, что может способствовать ускорению селекционных процессов и сохранению генофонда зерновых культур.

Список литературы:

1. Физиология растений: учебник / Н. Д. Алехина, Ю. В. Балнокин, В. Ф. Гавриленко [и др.] ; под ред. И. П. Ермакова. — 2-е изд. — М. : Академия, 2007. — 640 с.
2. Бутенко, Р. Г. Культура изолированных тканей и физиология морфогенеза растений / Р. Г. Бутенко. — М.: Наука, 1963. — 340 с.
3. Murashige, T. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures / T. Murashige, F. Skoog // *Physiol. Plant.* — 1962. — Vol. 15. — P. 473–497.
4. Научные основы сохранения и устойчивого воспроизводства генофонда растений в культуре *in vitro* / О. И. Молчанова, О. Г. Васильева, Л. Н. Коновалова. — [Б. м.], 2016. — 180 с.
5. Pierik, R. L. M. *In Vitro Culture of Higher Plants* / R. L. M. Pierik. — Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1997. — 508 p. — Пер. на рус. яз.: Пирк, Р. Л. М. Культура высших растений *in vitro* / Р. Л. М. Пирк. — М. : Мир, 2001. — 512 с.

РЕГУЛЯТОРЫ РОСТА РАСТЕНИЙ И ИХ ВЛИЯНИЕ НА РАЗВИТИЕ МАЛИНЫ СОРТА ШУНТУКСКАЯ

Добренков Е. А., Мамсиров Н. И.

ФГБОУ ВО «Майкопский государственный технологический университет»

385000, Россия, г. Майкоп, ул. Первомайская, 191

E-mail: dobrenkov72@mail.ru; nur.urup@mail.ru

Выращивание ягодных культур на юге России обладает значительным потенциалом благодаря благоприятному климату и плодородным почвам региона. Южные регионы России характеризуются теплым и продолжительным вегетационным периодом, что позволяет выращивать широкий спектр ягодных культур, включая малину, землянику садовую, черешню, виноград и многие другие.

В современном садоводстве особую актуальность приобретает применение регуляторов роста растений – биологически активных соединений, способных направленно

изменять процессы роста и развития культурных растений. Для малины (*Rubus idaeus* L.), ценной ягодной культуры с высокой экономической значимостью, оптимизация фиторегуляторных воздействий открывает перспективы повышения урожайности и качества продукции.

Актуальность темы: Малина (*Rubus idaeus* L.) – высокоценная ягодная культура с ограниченным ареалом возделывания. Регуляторы роста – эффективный инструмент управления продуктивностью насаждений. Оптимизация фитогормональных воздействий позволяет повысить урожайность на 15-50%.

Цель исследования: изучить влияние различных классов регуляторов роста растений на морфофизиологические показатели малины.

Задачи исследования заключались в оценке воздействия ауксинов, цитокининов и брассиностероидов на ростовые процессы; анализе влияния регуляторов роста растений на формирование генеративных органов; определении оптимальных концентраций препаратов.

Теоретические основы применения регуляторов роста растений. Регуляторы роста растений классифицируются по механизму действия: стимуляторы (ауксины, цитокинины, брассиностероиды); ингибиторы (абсцизовая кислота, ретарданты); регуляторы с полифункциональным действием (этилен) [1, 4].

Ключевые механизмы действия: ауксины – активация камбиальной деятельности, стимуляция корнеобразования; цитокинины – стимуляция цитокинеза в апикальных меристемах, усиление ветвления; брассиностероиды – модуляция экспрессии генов фотосинтеза и стрессоустойчивости [2, 3].

Эффекты свойственные для малины: увеличение числа побегов на 25-40%; повышение урожайности на 15-30%; ускорение созревания на 5-10 дней.

Методика эксперимента. Объект исследования: сорт малины «Шунтукская» (2-летние растения). Схема опыта (4 варианта, 4-кратная повторность); контроль (обработка водой); α -нафтилуксусная кислота (0,01 мг/л); 6-бензиламинопурин (0,5 мг/л); эпибрассинолид (0,05 мг/л).

Методика применения: двукратное опрыскивание: фаза начала активного роста (апрель), фаза бутонизации (июнь); по 10 растений в повторности [5]. Учитываемые показатели: длина побегов (см); число боковых побегов (шт./растение); количество цветков (шт./побег); масса ягод (г); урожайность (кг/растение).

Методы анализа: дисперсионный анализ (ANOVA), критерий Тьюки ($p < 0,05$).

Основные результаты. Влияние на ростовые процессы (через 30 дней после обработки) Ауксины: увеличение длины побегов на 38,8% (58,7 см против 42,3 см в контроле). Цитокинины: усиление ветвления на 90,6% (6,1 побегов против 3,2). Брассиностероиды: комплексный эффект – длина побегов 55,4 см, число побегов 5,3 шт. Формирование генеративных органов Контроль: $12,4 \pm 0,8$ цветков/побег. Ауксин: $14,7 \pm 1,0$ (+18,5%). Цитокинин: $16,3 \pm 1,1$ (+31,5%). Брассиностероид: $15,8 \pm 1,0$ (+27,4%). Продуктивность растений Средняя масса ягоды: контроль – 4,2 г; ауксин – 4,5 г; цитокинин – 4,3 г; брассиностероид – 4,6 г. Урожайность с растения: контроль – 1,8 кг; ауксин – 2,3 кг (+27,8%); цитокинин – 2,5 кг (+38,9%); брассиностероид – 2,7 кг (+50,0%).

Результаты. Выявленные закономерности: Специфичность действия PPP: ауксины → линейный рост; цитокинины → ветвление; брассиностероиды → комплексная

продуктивность. Дозозависимый эффект: концентрация 0,05 мг/л эпибрассинолида оптимальна для малины. Синергизм эффектов: сочетание стимуляции вегетативного роста и генеративного развития. Физиологические механизмы: активация меристематической активности; усиление фотосинтетической продуктивности; повышение устойчивости к абиотическим стрессам.

Выводы

Регуляторы роста растений оказывают достоверное влияние на морфогенез малины, причём эффект зависит от класса соединения и концентрации.

Ауксины преимущественно стимулируют удлинение побегов (+38,8%).

Цитокинины максимально усиливают ветвление (+90,6%) и формирование цветков (+31,5%).

Брассиностероиды обеспечивают сбалансированное развитие и максимальную урожайность (+50 % к контролю).

Оптимальная концентрация эпибрассинолида – 0,05 мг/л.

Практические рекомендации

Для промышленного выращивания малины применять эпибрассинолид в концентрации 0,05 мг/л.

Проводить двукратное опрыскивание:

первый этап – начало вегетации (апрель);

второй этап – фаза бутонизации (июнь).

Сочетать обработку регуляторами роста растений с оптимальным водным и минеральным режимом.

Контролировать концентрацию растворов для исключения фитотоксичности.

Перспективы дальнейших исследований

Изучение долгосрочного влияния регуляторов роста растений на биохимический состав ягод (сахара, антиоксиданты).

Оценка эффективности комбинированного применения регуляторов разных классов.

Тестирование регуляторов роста растений на других сортах малины.

Исследование влияния регуляторов роста растений на устойчивость к биотическим стрессам (болезни, вредители).

Разработка интегрированных схем применения регуляторов роста растений в органическом садоводстве.

Список литературы:

1. Кулаева О. Н. Физиология растений. – М.: Колос, 2020. – 400 с.
2. Кефели В. И. Природные и синтетические регуляторы роста растений. – М.: Наука, 2019. – 256 с.
3. Полевой В. В. Фитогормоны. – Л.: изд-во ЛГУ, 2021. – 300 с.

4. ГОСТ Р 52325-2005. Семена сельскохозяйственных растений. Сортовые и посевные качества.
5. Методические указания по проведению полевых опытов с удобрениями. – М.: ВНИИА, 2022. – 184 с.

ОЦЕНКА ПОТЕНЦИАЛА КАЛЛУСООБРАЗОВАНИЯ СОРТОВ ГРЕЧИХИ ОБЫКНОВЕННОЙ

Иматуллина Г.И.

**Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства – обособленное
подразделение ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр «Казанский
научный центр Российской академии наук» (ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН), Казань,
420059**

Гречиха посевная (*Fagopyrum esculentum Moench*) является стратегически важной псевдозерновой культурой, обладающей высокой агроэкологической пластичностью и исключительной питательной ценностью зерна. Однако ее селекция затруднена биологическими особенностями, такими как гетеростилия и самонесовместимость. Преодоление этих ограничений возможно с помощью биотехнологических методов, в частности, культуры тканей *in vitro*, позволяющей проводить клональное микроразмножение и клеточную селекцию.

Целью данной работы была разработка оптимального режима культивирования *in vitro* для эксплантов диплоидных сортов Батыр, Агата гречихи селекции Татарского НИИСХ с последующей идентификацией генотипов с высоким каллусогенным и регенерационным потенциалом. Для исследования были использованы плоды, полученные в один год при одинаковых условиях вегетационного периода, фракции 3,2-3,5 мм. При визуальной оценке плодов околоплодник был без повреждений. Базовой средой для работы была выбрана агаризированная модифицированная среда Murashige-Skoog, которая широко применяется в биотехнологии растений благодаря сбалансированному составу макро- и микроэлементов с добавлением фитогормонов (ИУК 0,2 мг/л, БАП 3,0 мг/л, кинетин 0,2 мг/л). Кислотность питательной среды была 5,6...5,7 единиц pH.

Питательную среду готовили на средоварке марки Systec MediaPrep-10. После разлива в чашки Петри, проводят стерилизацию среду автоклавирование. Условия автоклавирования следующие: температурный режим 121°C, давление 1 атмосфера, время автоклавирования 20 минут. Далее чашки Петри для предотвращения конденсации охлаждали до 50°C, и затем герметизируют парафильмом или пищевой пленкой.

Для проведения стерилизации питательной среды использовался автоклав марки Binder FD 115. Стерилизацию рабочего инструмента при проведении работ проводили при помощи спиртовой горелки.

Для проведения эксперимента использовались следующие лабораторные инструменты: Электронные лабораторные дозаторы, скальпели, пинцеты, ножницы, щипцы с тупыми или острыми концами длиной 160-200 мм.

Из лабораторной посуды использовали: мерные стаканы объемом 500 и 1000мл, чашки Петри, пробирки, контейнеры для временного хранения, автоклавируемые банки.
ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

Экспериментальную работу проводили в ламинарном боксе, после чего экспланты помещали в ростовую комнату. Инкубация проводилась при +25 °С и световом режиме 16/8.

Хранение стоковых растворов гормонов для предотвращения деградации проводилось в морозильных камерах при -20°С.

Стерилизация плодов проводилась по методу Барсуковой Е.Н.: зрелые плоды с перикарпием (плодовой оболочкой) помещали в концентрированную серную кислоту на 2 минуты, после чего трижды промывали в течение 5-10 минут стерильной дистиллированной водой, освобождали от перикарпия и пассировали на питательную безгормональную среду Мурасиге и Скуга для получения стерильных проростков [19].

Для получения каллуса были выбраны семидневные проростки, у которых был отделен гипокотиль и пересажен на среду. Для проведения эксперимента использовали по 200 образцов каждого изучаемого генотипа. Экспланты культивировали в чашках Петри, размещая по 5 штук в каждой с последующим пассированием. Опыт проводили в четырехкратной биологической повторности. Для расчёта индекса роста и удельной скорости роста использовались данные, полученные с четырех пассажей. Интенсивность роста каллусной культуры оценивали путем расчета индекса роста (ИРК) по формуле: $ИРК = (M_k - M_n) / M_n$, где M_n и M_k — начальная и конечная масса каллуса, соответственно. Удельную скорость роста (μ , сут⁻¹) каллусной ткани рассчитывали на 28-е сутки культивирования по формуле: $\mu = [\ln (M_2 / M_1)] / \Delta t$, где M_1 и M_2 — масса каллуса на начало эксперимента и на 28-е сутки соответственно, а $\Delta t = 28$ суток. Полученные в ходе исследований данные были обработаны с помощью пакета программ, входящих в состав Microsoft Excel (дисперсионный анализ).

Проведенные исследования выявили статистически значимые межсортные различия по способности к каллусообразованию. Наибольшая каллусогенная активность была отмечена у сорта Батыр — 81,0%. Сорт Агата показал среднее значение - 79,0%.

Морфологический анализ выявил ключевые различия в структуре каллусных тканей. Каллус сорта Агата имел буро-коричневую окраску и рыхлую, обводненную структуру, склонную к распаду, что указывает на их низкую морфогенетическую компетентность. В отличие от Агаты, каллус сорта Батыр, имея аналогичную пигментацию, отличался плотной консистенцией, формировал меристематические очаги и демонстрировал активную регенерацию побегов.

Оценка кинетики ростовых процессов показала, что наибольшей пролиферативной активностью характеризовался сорт Агата (индекс роста 0,96, $\mu = 0,024$ сут⁻¹). Минимальная интенсивность пролиферации была отмечена у сорта Батыр (индекс роста 0,90, $\mu = 0,023$ сут⁻¹).

Таким образом, комплексная оценка позволила идентифицировать генотипы с различным биотехнологическим потенциалом. Сорт Батыр был выделен как наиболее перспективный для целей микроразмножения и клеточной селекции благодаря высокой частоте каллусогенеза (81,0%) и уникальной способности к органогенезу. Сорт Агата, обладая максимальной скоростью пролиферации (удельная скорость роста 0,024 сут⁻¹), представляет ценность для накопления биомассы, однако его морфогенетический потенциал ограничен. Полученные данные служат основой для дальнейшей селекционной работы с использованием методов биотехнологии.

Список литературы:

1. Is cytotoxicity a determinant of the different in vitro and in vivo effects of bioactives?/ Nunzio M. Di, Valli V., Tomás-Cobos L. et al.// BMC Complementary and Alternative Medicine. 2017. Vol. 17. P. 453. URL: <https://bmccomplementmedtherapies.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12906-017-1962-2> (дата обращения: 20.09.2025)
2. Суворова Г.Н., Соболева Г.В., Бобков С.В., Иконников А.В. Разработка и использование биотехнологических методов для создания новых форм растений зернобобовых и крупяных культур // Зернобобовые и крупяные культуры. 2012. № 2(2). С. 10–13. EDN QCRLDF.
3. Барсукова Е.Н., Клыков А.Г., Чайкина Е.Л. Селекция гречихи посевной с применением культуры in vitro // Вестник КрасГАУ. 2023. № 5(194). С. 17–23. doi: 10.36718/1819-4036-2023-5-17-23. EDN BNNHPY.
4. Способ размножения гречихи in vitro: пат. № 2538167 С1 Рос. Федерация № 2013135431/10/ Е. Н. Барсукова; заявл. 26.07.2013; опубл. 10.01.2015

ПОЛИМЕРНЫЕ НОСИТЕЛИ НА ОСНОВЕ КРИОГЕЛЕЙ ПОЛИВИНИЛОВОГО СПИРТА С ДОБАВКАМИ РЕГУЛЯТОРОВ РОСТА РАСТЕНИЙ ДЛЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА

Ли В.А.^{1,2}, Колосова О.Ю.², Быстрова Н.А.², Лозинский В.И.²

1 – Российский химико-технологический университет имени Д.И. Менделеева (РХТУ им. Д.И. Менделеева), Москва 125047; E-mail: victoria121601@gmail.com

2 – Институт элементоорганических соединений имени А.Н. Несмеянова РАН (ИНЭОС РАН), Москва 119334

Криогели поливинилового спирта (КГПВС) представляют собой гетерофазные макропористые полимерные гели, формирующиеся в процессе замораживания и оттаивания растворов поливинилового спирта. Эти материалы перспективны для сельскохозяйственного применения благодаря их способности улучшать структуру почвы, снижая вредные факторы, а также способствовать повышению урожайности и качества сельскохозяйственных культур [1, 2]. Возможность внедрения биологически активных веществ (БАВ) в матрицу КГПВС позволяет контролировать их высвобождение и уменьшать частоту поливов [3].

КГПВС могут служить носителями ауксинов (IAA, IBA) – универсальных растительных регуляторов роста, которые влияют на клеточное деление, растяжение, морфогенез, а также на образование и развитие корней.

В исследовании методом «замораживания-оттаивания» были получены криогели поливинилового спирта, содержащие добавки ауксинов в протонированной и солевой формах в разных концентрациях.

Для образцов оценивали упругость и теплостойкость, а также изучали динамику высвобождения этих соединений из полимерной матрицы в водное окружение.

Проведены также исследования биологической активности КГПВС с добавками ауксинов. Общая продолжительность эксперимента составляла 10 дней, использовались семена пшеницы (*Triticum aestivum* L.) сорта «Агата®-2023». Анализ полученных данных показал, что введение производных IAA и IBA в полимерную матрицу КГПВС не снижает их биологическую активность, то есть ауксины продолжают эффективно стимулировать рост и развитие корневой системы пшеницы. Кроме того, включение биологически активных веществ в структуру криогелей позволяет уменьшить частоту поливов.

Таким образом, применение криогелей поливинилового спирта в качестве полимерного носителя ауксинов (IAA, IBA) способствует снижению частоты орошений почвы.

Благодарности:

Работа выполнена в рамках Государственного задания № 075-00276-25-00 Министерства науки и высшего образования Российской Федерации.

Список литературы:

1. Лозинский В.И. Криогели на основе природных и синтетических полимеров: получение, свойства и области применения // Успехи химии. — 2002. — Т. 71, № 6. — С. 559–585.
2. Tariq Z., et al. Significance of biopolymer-based hydrogels and their applications in agriculture: a review in perspective of synthesis and their degree of swelling for water holding // RSC Advances. — 2023. — Vol. 13, № 35. — P. 24731–24754.
3. Baran A., et al. Hydrophysical and Biological Properties of Sandy Substrata Enriched with Hydrogel // Polish Journal of Environmental Studies. — 2015. — Vol. 24, № 6. — P. 2355–2362.

ВЫХОД ЦИТОХРОМА C ИЗ МИТОХОНДРИЙ ПЫЛЬЦЕВЫХ ТРУБОК РЖИ (*SECALE CEREALE* L.) В ХОДЕ ГАМЕТОФИТНОЙ САМОНЕСОВМЕСТИМОСТИ КАК МАРКЕР ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ СМЕРТИ

Молчанова Т.П.¹, Бен. С.², Лазарева Е.М.¹, Голиванов Я.Ю.¹, Захарова Е.В.¹

***1 - Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,***

Москва, Россия

2 - Agro Toulouse, France

E-mail: tatihhan@gamil.com

Рожь (*Secale cereale* L.) является перекрестно опыляемым злаком. В природе для поддержания генетического разнообразия и гетерозиготности популяций у таких растений выработался механизм гаметофитной самонесовместимости (ГСН). Этот механизм предотвращает самоопыление, обеспечивая избирательность в оплодотворении, путем остановки роста и гибели несовместимой пыльцевой трубки в тканях пестика.

В данной работе мы исследовали аспекты программируемой клеточной смерти (ПКС), которые сопровождают процесс ГСН при самоопылении (Zakharova et al., 2024). Одной из ключевых задач стала детекция выхода цитохрома *c* из митохондрий, который является важным маркером запуска ПКС (Banerjee et al., 2025).

В работе использовали диплоидную рожь сорта «Селенга», выращенную в условиях фитотрона. После кастрации цветков проводили контролируемое опыление: опытный вариант - самоопыление, контрольный вариант - перекрестное опыление. Через 30 минут после опыления пестики фиксировали в 4% растворе параформальдегида в течение 1,5 часов. Затем образцы дважды промывали PBS-буфером и хранили в нем при температуре +5 °C. Пестики подвергали мацерации в Triton 0,5% в PBS 30 минут. Далее применяли специфические первичные антитела для иммунолокализации цитохрома *c* (инкубирование при 65 °C. 12 ч) и вторичные антитела, меченные флуоресцентной меткой Texas Red (инкубирование при комнатной температуре 45 мин). Образцы помещали на предметные стекла в среде Mowiol с добавлением DAPI для контрастирования ядер. Визуализацию проводили на Zeiss LSM 800 Airy Scan.

При самоопылении были обнаружены пыльцевые трубки и вышедшие в них ядра, окрашенные DAPI при длине волны 358-461 nm. При длине волны 586-603 nm в цитоплазме пыльцевой трубки было зафиксировано красное равномерное свечение, что указывает на связывание меченых антител и, следовательно, на выход цитохрома *c* в цитоплазму. В контрольном варианте (перекрестное опыление) красная равномерная флуоресценция в цитоплазме отсутствовала.

В результате работы был зафиксирован выход цитохрома *c* из митохондрий в пыльцевых трубках ржи при самоопылении. Это служит указанием на доказательство активации механизма программируемой клеточной смерти в самонесовместимых пыльцевых трубках в процессе гаметофитной самонесовместимости у ржи.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM -2025-0003).

Список литературы

1. Banerjee, S.; Tiwari, A.K.; Tiwari, B.S. Trans-Kingdom Regulation of Programmed Cell Death in Plants. *J Plant Growth Regul* **2025**, doi:10.1007/s00344-025-11633-7.
2. Zakharova, E.V.; Demyanchuk, I.S.; Sobolev, D.S.; Golivanov, Y.Y.; Baranova, E.N.; Khaliluev, M.R. Ac-DEVD-CHO (Caspase-3/DEVDase Inhibitor) Suppresses Self-

Incompatibility–Induced Programmed Cell Death in the Pollen Tubes of Petunia (Petunia Hybrida E. Vilm.). *Cell Death Discov.* **2024**, 10, 1–11, doi:[10.1038/s41420-024-01821-x](https://doi.org/10.1038/s41420-024-01821-x).

УДК 634.75:581.16

ФЕРТИЛЬНОСТЬ ПЫЛЬЦЫ ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ: ОТ ФУНДАМЕНТАЛЬНОЙ ОЦЕНКИ ДО ПРИКЛАДНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ

Панков И.А., Бухарова А.Р.

*Российский государственный университет народного хозяйства
имени В. И. Вернадского (ФГБОУ ВО РГУНХ им. В. И. Вернадского),
143907, Московская область, г. Балашиха, ул. Шоссе Энтузиастов, д. 50
morozisummer@gmail.com*

Ключевые слова: земляника садовая, *Fragaria* × *ananassa*, фертильность пыльцы, селекция, цитологический анализ, гибридизация.

Проблема низкой фертильности пыльцы и ее влияния на продуктивность земляники садовой (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) широко обсуждается в современной селекционной литературе. Несмотря на обоеполюю природу цветка, наличие полноценных репродуктивных структур не гарантирует их функциональную состоятельность, а значительная межсортная изменчивость по этому признаку отмечается многими исследователями. Это обуславливает необходимость комплексного подхода к оценке фертильности пыльцы – от фундаментального изучения до практического применения в селекционных программах.

Выполненные этапы работы. На текущий момент проведена следующая подготовительная работа:

- проанализированы литературные источники и обобщены современные методики оценки фертильности пыльцы;
- подобрана и адаптирована методика цито-эмбриологического анализа с использованием окрашивания ацетокармином;
- сформирована коллекция из 15 перспективных сортообразцов земляники садовой;
- проведена фиксация цветков для последующего микроскопического анализа.

Материалы и методы. Для исследования используются ранее отобранные по хозяйственно-ценностным признакам сортообразцы земляники садовой. Применяемая методика включает:

- цитологический анализ пыльцы (окрашивание 1% ацетокармином);

- функциональный тест (проращивание *in vitro* на среде с 10-15% сахарозой и 0,01% борной кислотой);

- статистическую обработку данных с использованием дисперсионного анализа;

- сравнительную характеристику сортов по уровню фертильности пыльцы.

Ожидаемые результаты. В ходе исследования планируется:

- разработать систему оценки фертильности пыльцы земляники;

- выделить образцы высокой фертильности для использования в селекционных программах;

- дать рекомендации по оптимизации подбора родительских пар для гибридизации.

Практическая значимость. Разрабатываемая система оценки позволит:

- снизить количество неперспективных комбинаций скрещиваний;

- повысить эффективность селекционного процесса;

- создать основу для формирования банка пыльцы ценных генотипов.

Выводы. Комплексный подход к оценке фертильности пыльцы земляники садовой позволит объединить фундаментальные методы исследования с практическими задачами селекции. Наличие собранного фиксированного материала обеспечивает возможность получения первичных экспериментальных данных в кратчайшие сроки.

Список используемой литературы

1. Батурин С. О., Амброс Е. В. Изменчивость в агамоспермном потомстве крупноплодной земляники (*Fragaria ananassa* Duch.) по фертильности пыльцы // Региональные геосистемы. 2011. №9-1 (104).
2. Дахно О. А., Дахно Т. Г. Репродуктивные особенности интродуцированных сортов земляники крупноплодной в условиях юго-восточной части Камчатки // Дальневосточный аграрный вестник. 2018. №2 (46).
3. Козлова, И. И. Перспективный исходный селекционный материал интродуцированных сортов земляники садовой (*Fragaria*×*ananassa* Duch.) / И. И. Козлова // Плодоводство и ягодоводство России. – 2021. – Т. 64. – С. 9-16.

ЦИТО-ЭМБРИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ ГИБЕЛИ ЖЕНСКОГО ГАМЕТОФИТА ПРИ ОТДАЛЕННОЙ ГИБРИДИЗАЦИИ *NIKOTIANA TABACUM* L. И *PETUNIA HYBRIDA* E. VILM

Симонов И.М., Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,

Москва, Россия

**E-mail: iab@iab.ac.ru*

Ключевые слова: программируемая клеточная смерть, некроз, отдаленная гибридизация, репродуктивные барьеры, опыление

Исследование механизмов репродуктивной несовместимости у представителей семейства Solanaceae, в частности у табака (*Nicotiana tabacum* L.) и петунии (*Petunia hybrida* E. Vilm.), представляет собой важный этап в понимании фундаментальных закономерностей цитологических и эмбриологических процессов, лежащих в основе межродовых барьеров оплодотворения. Изучение развития семязачатков после отдаленной гибридизации позволит установить ключевые клеточные процессы, которые определяют развитие женского гаметофита в условиях межродовой гибридизации.

Анализ поперечных срезов завязей, выполненных через 54 часа после опыления, выявил факт оплодотворения семязачатков и образование зиготы. Однако дальнейшее исследование более поздних точек показало, что формирование полноценного зародыша не происходит. При последующем исследовании живых срезов завязей через 72 часа после опыления, окрашенных акридиновым оранжевым и изученных с помощью флюоресцентной микроскопии, было выявлено наличие признаков программируемой клеточной смерти (ПКС). Следует отметить, что процессы ПКС являются естественным компонентом онтогенеза и постоянно происходят в тканях завязи, участвуя в дифференцировке ряда тканей. Для лучшего понимания характера клеточной гибели планируется проведение анализа тех же образцов с применением дополнительных методов – в частности, тестов на наличие некротических процессов, что позволит определить форму клеточной гибели, которая является частью репродуктивного барьера при отдаленной гибридизации.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM -2025-0003).

ПРИМЕР ПРЕОДОЛЕНИЯ НЕГАТИВНЫХ УСЛОВИЙ ЗАСУХИ ПРИ ВОССТАНОВЛЕНИИ ПОЧВЕННОЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ПИЩЕВОЙ СЕТИ.

Собкалов А.В., Мамсиров Н. И.

ФГБОУ ВО «Майкопский государственный технологический университет»

385000, Россия, г. Майкоп, ул. Первомайская, 191

e-mail: asobkalov@mail.ru

В развитии тезисов высказанных в статье авторов «Почвенная микробиологическая пищевая сеть как фундамент «Регенеративной Симбиотической Биоэкономики» считаем необходимым показать каким образом метод восстановления или коррекции почвенной микробиологической пищевой сети может быть решением проблем сельхозтоваропроизводителей в условиях засухи.

Суть явления почвенной микробиологической пищевой сети [1] состоит в том, что растения направляют значительную долю (от 10 до 45%) результатов собственного фотосинтеза в свою корневую систему и впоследствии за её пределы, в ризосферу. В

ризосфере эти выделения (экссудаты) поедаются микроорганизмами, бактериями и грибами.

Микроорганизмы первого порядка (бактерии и грибки) используют экссудаты как источник энергии, но для роста и размножения они добывают минералы из общего запаса (недоступного растениям) посредством воздействия на разные фракции горных пород (глину, ил, песок и более крупные фрагменты) своими ферментами, более сильными чем у растения.

Грибки и бактерии размножающиеся на энергии экссудатов в ризосфере растения, привлекают хищные микроорганизмы второго трофического яруса, это различные виды жгутиконосцев, амёбы и полезные нематоды (питающиеся грибами, бактериями или всеядные).

Хищные микроорганизмы второго яруса, питаясь микроорганизмами первого яруса, высвобождают минеральные вещества, добытые последними, из кристаллической формы горных пород различных фракций. В итоге растения получают доступ к минеральным веществам, которые не были доступны им без наличия описанной почвенной микробиологической пищевой сети.

В пищевой сети присутствуют последующие уровни хищных микроорганизмов (например хищные нематоды, артроподы) и макро организмы, которые контролируют баланс численности организмов предыдущих ярусов, обеспечивая устойчивость работы всей системы питания и защиты растений.

Полноценно функционирующая почвенная микробиологическая пищевая сеть обладает следующими характеристиками:

- ✓ Питательные вещества доступны растениям точно и в срок – поскольку обеспечивается высокоэффективная циркуляция минералов.
- ✓ Бактериальные и грибковые болезни растений подавляются за счёт конкуренции микроорганизмов, угнетения и поедания.
- ✓ Качественная структура почвы обеспечивает большую глубину проникновения корней, снижение водопотребления, повышение влагоудержания и аэрации почвы.
- ✓ Способна удерживать питательные вещества – остановка поверхностных стоков, водной эрозии и выщелачивания.
- ✓ Способна разлагать токсины – удаление вредных остатков за счёт жизнедеятельности микроорганизмов.

В условиях продолжительной засухи в Российской Федерации в 2025 году наиболее актуальным становятся свойства метода восстановления почвенной пищевой сети в части снижения водопотребления, повышения влагоудержания и аэрации почвы (позволяющей запустить механизм атмосферной ирригации).

Пример применения метода на виноградных фермах Grape Exchange Australia. В 2006[2] году Grape Exchange Australia насчитывала тридцать четыре виноградных фермы, расположенных от севера Австралии и далее на юг почти до самого Мельбурна. Доктор Элейн Инхем (США) начала работу на одной из этих ферм, где не получалось произвести урожай. Там были проблемы с водоснабжением, плодородием, болезнями и насекомыми.

В первый год было внесено 10 т качественного микробиологически активного компоста на акр (25 т на 1 га) и 3 аппликации компостного «чая» (это водный экстракт

полученный в результате активного аэрирования на протяжении 24-48 часов с добавлением пищи стимулирующей размножение конкретных групп микроорганизмов) на листовую поверхность.

В 2006 году год в Австралии случилась очень сильная засуха, так что на остальных 33 фермах не удалось получить адекватный урожай из-за нехватки воды. На тестовой ферме была восстановлена водоудерживающая способность почвы, также в этом году наблюдалось много туманов, и благодаря созданию качественной структуры почвы туман уходил в почву так, что был произведён хороший урожай, единственный в Австралии в этом году, который в итоге финансово поддержал остальные 33 фермы.

В 2007 году был инициирован переход на метод восстановления почвенной микробиологической пищевой сети на всех остальных 33 фермах. В этом году было закуплено оборудование, ворошитель компостных буртов, реакторы для компостного «чая», водовозки, проведено обучение, и не смотря на все расходы для 33 ферм было отмечено 16% сокращение операционных расходов на уровне компании. Объясняется это тем, что не нужно было платить как раньше за воду (водопотребление сократилось на 50-70%), её перекачку, минеральные удобрения, известь, гипс, биоциды и не нужно было платить з/п и нести расходы на их вынос в виноградники. Важно отметить, что засушливые условия по прежнему сохранялись, традиционные фермы получали от 30 до 50% урожая, в то время как 33 фермы переведенные на микробиологию в 2007 году получили урожай в среднем 75% от обычного уровня когда нет засухи. Также за счет улучшения качества продукции выручка компании выросла на 8%.

Практическая работа с данным методом осуществляется на территории фермерского хозяйства Главы КФХ Собкалова А.В., в Республики Адыгея, рядом со станицей Даховская.

Если вы заинтересованы в освоении метода восстановления ППС или ином сотрудничестве, вы можете воспользоваться контактами для связи: Ватсап, Телеграм по телефону +7 (988) 521-67-42 или по электронной почте asobkalov@mail.ru

Ссылки:

1. Interactions of Bacteria, Fungi, and their Nematode Grazers: Effects on Nutrient Cycling and Plant Growth. Russell E. Ingham, J.A. Trofymow, Elaine R. Ingham, David C. Coleman. Ecological Monographs, Vol.55 № 1 (Mar. 1985), pp 119-140. Published by: Ecological Society of America.
2. Курс доктора Элейн Инхем, <https://www.soilfoodweb.com>

РОЛЬ АФК ПРИ ФУНКЦИОНИРОВАНИИ МЕЖРОДОВЫХ БАРЬЕРОВ ГИБРИДИЗАЦИИ В ПРОГАМНОЙ ФАЗЕ ОПЛОДОТВОРЕНИЯ NICOTIANA TABACUM L. И PETUNIA HYBRIDA E VILM.

Гасанов Е.А., Голиванов Я.Ю. , Захарова Е.В

***Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,
Москва, Россия***

***E-mail: gasanovea@bk.ru**

Ключевые слова: активные формы кислорода, рост пыльцевой трубки, отдаленная гибридизация, прогамная фаза оплодотворения

Активные формы кислорода (АФК) играют ключевую роль в регуляции процессов оплодотворения и преодоления межродовых репродуктивных барьеров у покрытосеменных растений. На фоне возрастающего интереса к отдалённой гибридизации как перспективному направлению расширения генетического разнообразия культурных растений, исследование влияния сигнальных реакций, включая динамику АФК, на рост пыльцевой трубки приобретает особую актуальность. Семейство Solanaceae представляет собой удобную модельную систему для изучения молекулярных механизмов опыления, в том числе в условиях самонесовместимости и межродового скрещивания.

В рамках настоящего исследования проводилась оценка уровня АФК в клетках пестика у самосовместимой (СС) и самонесовместимой (СН) форм *Petunia hybrida* E. Vilm. при контролируемых опылениях. Показано, что АФК присутствуют в тканях пестика и до опыления, выполняя функции сигнальных молекул, однако характер изменения их концентрации напрямую коррелирует с успешностью роста пыльцевой трубки. При самоопылении СС-формы *P. hybrida* E. Vilm наблюдалось нормальное завязывание плодов и отсутствие критических пиков АФК. В отличие от этого, при самоопылении СН-формы в нулевой временной точке фиксировалась резкая вспышка АФК, затем их уровень слегка возрастал на протяжении 1–2 часов, значительно снижался к 4-му часу, но к 6–8 часам достигал критических значений, соответствующих остановке роста пыльцевой трубки. Подобная динамика характерна для механизмов самонесовместимости. При межродовом опылении *P. hybrida* E. Vilm (СН) табаком (*Nicotiana tabacum* L.): после начального повышения в нулевой точке концентрация АФК лишь незначительно снижалась к 1-му часу и выходила на плато без достижения критических значений, что указывает на потенциальную возможность формирования межродовых гибридов.

Полученные данные демонстрируют существенную роль АФК как регуляторов репродуктивной совместимости при отдалённой гибридизации. В дальнейшем планируется выявить молекулярные и физиологические механизмы, лежащие в основе формирования межродовых барьеров у Solanaceae, что позволит разработать подходы к их преодолению и расширению генетического потенциала культурных растений.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM -2025-0003).

ДИНАМИКА СОДЕРЖАНИЯ АКТИВНЫХ ФОРМ КИСЛОРОДА В СИСТЕМЕ ПЫЛЬЦА-ПЕСТИК ПРИ ФУНКЦИОНИРОВАНИИ МЕЖРОДОВЫХ БАРЬЕРОВ ГИБРИДИЗАЦИИ У РАСТЕНИЙ СЕМЕЙСТВА SOLANACEAE

Коконина М.А., Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,
Москва, Россия

*E-mail: kokonina.mariya@gmail.com

Ключевые слова: активные формы кислорода, рост пылевой трубки, отдаленная гибридикация

Отдалённая гибридикация является одним из ключевых инструментов в селекции и гибридикации, однако её эффективность ограничивается многочисленными барьерами. Одним из таких барьеров является прекращение роста пылевых трубок (ПТ) в тканях пестика при межвидовых и межродовых скрещиваниях. Установлено, что нарушение сигналинга между пылевой трубкой и материнскими тканями приводит к преждевременной остановке роста ПТ и, как следствие, к нарушению оплодотворения.

В последние годы активные формы кислорода (АФК) рассматриваются как ключевые регуляторы роста ПТ, участвующие в передаче сигнала, управлении полярным ростом и поддержании клеточной стенки в состоянии, пригодном для растяжения. При этом дисбаланс генерации АФК может индуцировать стрессовые реакции, приводящие к блокировке роста ПТ и проявлению репродуктивной несовместимости. В рамках настоящего исследования была проведена сравнительная оценка уровня АФК в пестиках растений семейства Solanaceae при совместимых и несовместимых вариантах опыления: *Solanum lycopersicum* L. сорта Blush × *Solanum lycopersicum* L. (контроль), *S. lycopersicum* L. × *Petunia hybrida* E. Vilm (самонесовместимая и самосовместимая формы) и *S. Lycopersicum* L. × *Salpiglossis sinuata*. Результаты показали, что при совместимых скрещиваниях (контроль) увеличение уровня АФК наблюдается лишь в нулевой точке, далее в течение 1–4 часов концентрация снижается, что коррелирует с продолжением роста ПТ. При межродовых опылениях (*S. Lycopersicum* L. × *Petunia hybrida* c u × *S. sinuata*) зафиксировано резкое увеличение уровня АФК в тканях пестика начиная с ранних временных точек опыления. У *Petunia hybrida* E. Vilm критические значения концентрации АФК отмечаются уже на 2-й час после опыления, что сопровождается полной остановкой роста ПТ. Аналогичный паттерн наблюдался при взаимодействии томата с сальпиглоссисом, где блокировка роста ПТ также совпадала с пиковым уровнем АФК на 2-й час эксперимента.

Полученные данные подтверждают роль АФК как одного из ключевых факторов, определяющих барьеры отдалённой гибридикации у Solanaceae. Наши выводы открывают перспективы для разработки биотехнологических подходов к снижению уровня окислительного стресса и преодолению репродуктивной несовместимости с целью повышения эффективности гибридикации.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM -2025-0003).

ВОЗДЕЙСТВИЕ КОЛХИЦИНА НА ЖИЗНЕСПОСОБНОСТЬ И РОСТОВЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ КАЛЛУСОВ *LUPINUS ALBUS* И *LUPINUS ANGUSTIFOLIUS*

¹Лысенко Д. А., ^{1,2}Мартirosян Л. Ю., ¹Жгунов И. С., ³Константинова Д. П.,
¹Мартirosян В.В.

*1-ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии», 127550 Россия, г. Москва, ул. Тимирязевская,
42 darokka99@gmail.com*

*2-ФГБУН Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН,
119334 Россия, г. Москва, ул. Косыгина, 4, levon-agro@mail.ru*

*3- ФГАОУ ВО "Московский Политехнический Университет",
107023 Россия, г. Москва, ул. Большая Семёновская, 38,
daria.konstantinowa28@yandex.ru*

Создание воспроизводимого протокола для системной регенерации из различных эксплантов, а тем более, из каллусных масс, для культуры тканей люпинов всегда считалось сверхтрудной задачей. Проблема низкой эффективности регенерационных процессов связывается с генотип-зависимыми факторами, что принципиально затрудняет получение модифицированных растений, в том числе с помощью редактирования генома. Методы молекулярной биотехнологии расширяют перспективы для улучшения характеристик культуры люпинов, включая повышение питательной ценности и устойчивости к стрессовым факторам окружающей среды. Большинство сортов люпина создано с использованием спонтанных или индуцированных мутантов[1]. Метод искусственного мутагенеза у люпина перспективен тем, что позволяет значительно расширить спектр и увеличить частоту появления форм с измененной наследственной основой. Колхицинирование каллусных масс является новым и пока не широко распространённым методом, особенно для культур люпинов. Этот метод, дающий положительные результаты в селекции многих сельскохозяйственных культур, в практической, селекционной работе с люпином пока не использовался, что связано со сложностями, возникающими из-за большого числа хромосом в клетках этой культуры. В нашей работе для получения новых форм с улучшенными потребительскими характеристиками мы применяли колхицин.

Целью данного исследования явилась разработка стандартизированного и эффективного протокола для успешной индукции каллусных масс, дальнейшей регенерации и ризогенеза растений из каллусных масс *Lupinus albus* (сорт Дебрянский) и *Lupinus angustifolius* (сорт Витязь), после процедуры колхицинирования. Для колхицинирования каллусных масс, полученных ранее, из гипокотилия и из семядольных листьев, использовали агаризованную питательную среду Мурасиге-Скуга с добавлением колхицина в трёх различных концентрациях, 0,01, 0,05 и 0,1%, на которой высаживали каллусные экспланты. Эффективность применения колхицина рассчитывалась как процентное соотношение здоровых каллусов к общему числу каллусов, помещенных на среду с добавлением колхицина. Выживаемость определялась на 7 день после пересадки каллуса со среды, содержащей колхицин, на среду без колхицина, но содержащую фитогормоны.

Наибольшее количество выживших каллусных тканей было выявлено на среде с концентрацией колхицина 0,01%. Более высокие концентрации вызывали угнетение роста каллусов и их потемнение. Также было отмечено, что низкие дозы колхицина стимулировали индукцию и пролиферацию каллуса. Схожие результаты были получены и в других исследованиях [2-4]. Далее в нашей работе мы изучали динамику роста отобранных после колхицинирования каллусных масс, полученных из семядольных листьев люпина узколистного (сорт Витязь), в жидкой культуральной среде В5. В контрольном варианте использовали такие же каллусные массы, не подвергшиеся обработке колхицином. Уже на седьмые сутки культивирования (лаг-фаза) была заметна разница в скорости роста, а начиная с 14 суток культивирования, биомасса опытных образцов каллуса была примерно в два раза больше, чем биомасса интактных каллусных масс. Такая разница в росте сохранилось до конца фазы экспоненциального роста, до 35 суток культивирования. В фазе стационарного роста, с 36 по 49 сутки, биомасса колхицинированных каллусов достигла 952 ± 23 г, а интактные каллусные массы достигли 553 ± 28 г.

В связи с накоплением большой биомассы, которая заняла практически весь объём культивационных сосудов, дальнейшее культивирование было приостановлено. Из полученных каллусных масс отобрали каллусы с явно выраженными морфогенными зонами, для дальнейшей регенерации проростков люпина. Они могут быть исходным материалом для создания улучшенных по многим параметрам сортов люпина. Далее полученные регенеранты будут проанализированы на плоидность и лучшие формообразцы будут включены в селекционный процесс.

Литература.

1. Майсурия Н. А., Атабекова А. И. Люпин. Москва: Колос, 463 с. – 1974.
2. Acanda Y. et al. Highly efficient in vitro tetraploid plant production via colchicine treatment using embryogenic suspension cultures in grapevine (*Vitis vinifera* cv. Mencía) //Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC). – 2015. – Т. 123. – №. 3. – С. 547-555.
3. Gao Y. et al. Establishing tetraploid embryogenic cell lines of *Magnolia officinalis* to facilitate tetraploid plantlet production and phenotyping //Frontiers in Plant Science. – 2022. – Т. 13. – С. 900768.
4. Wu J. et al. Colchicine in vitro tetraploid induction of *Populus hopeiensis* from leaf blades //Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC). – 2020. – Т. 141. – №. 2. – С. 339-349.

АКТИВАЦИЯ КАСПАЗО-ПОДОБНЫХ ПРОТЕАЗ КАК МЕХАНИЗМ ПРОГРАММИРУЕМОЙ КЛЕТОЧНОЙ СМЕРТИ ПРИ МЕЖРОДОВОЙ НЕСОВМЕСТИМОСТИ У ПЕТУНИИ

Ульянов А.И.*, Голиванов Я.Ю., Захарова Е.В.

**Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва,
Россия**

***E-mail: a.ulianov@outlook.com**

Ключевые слова: программируемая клеточная смерть, каспазо-3/7-подобная протеаза, ингибитор каспазы-3, отдаленная гибридизация, рост пыльцевой трубки, *Petunia hybrida*, *Nicotiana tabacum*, *Salpiglossis sp.*

Исследования механизмов межвидовой и межродовой несовместимости у растений семейства *Solanaceae* на примере петунии (*Petunia hybrida*) показывают, что программируемая клеточная смерть (ПКС) является ключевым фактором, препятствующим гибридизации. В основе ПКС лежит активность каспазо-подобных протеаз – эндопептидаз, расщепляющих белки по остаткам аспарагиновой кислоты. В данном исследовании проверялась гипотеза о том, что прорастание пыльцы отдаленных видов (*Nicotiana tabacum*, *Salpiglossis sp.*) на пестике *P. hybrida* индуцирует ПКС в пыльцевых трубках (ПТ).

Эксперименты по визуализации роста ПТ *in vivo* с помощью анилинового голубого показали, что пыльцевые трубки табака и сальпиглоссиса прорастают на рыльце пестика петунии, но останавливают свой рост через 6-8 часов после опыления, не достигая завязи. Спектрофотометрический анализ с использованием флуорогенного субстрата выявил значительное увеличение активности каспазо-подобных протеаз через 2 часа после опыления несовместимой пылью с последующим резким снижением к 6 часам. Метод флуоресцентной визуализации с применением реагента FLICA и пропидий йодида подтвердил, что наблюдаемая каспазная активность локализована именно в цитоплазме пыльцевых трубок, а не в тканях пестика.

Обработка рылец ингибитором каспазы-3 (Ac-DEVD-CHO) в концентрации 0,25 мМ перед опылением пылью табака оказала частичное положительное воздействие, незначительно увеличивая скорость и длину роста ПТ, однако не позволила полностью преодолеть барьер несовместимости.

Проведенное исследование демонстрирует, что ПКС, опосредованная активацией каспазо-3/7-подобных протеаз в пыльцевых трубках, является одним из ключевых механизмов репродуктивной изоляции при отдаленной гибридизации. Это открывает новые перспективы для изучения молекулярных основ несовместимости и разработки методов ее преодоления в селекции сельскохозяйственных культур.

Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (госзадание № FGUM -2025-0003).

Прикладные генетические технологии

БИОТЕХНОЛОГИЯ, СЕЛЕКЦИЯ И ПРОДОВОЛЬСТВЕННАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ В УСЛОВИЯХ ТАДЖИКИСТАНА

Партоев К.¹, Саидзода С. Т²., Сатторов Б.Н¹.,

Суярзода С.Дж². Мирзоали С³.

¹Институт ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана,

E-mail: pkurbonali@mail.ru

²Таджикский аграрный университет им. Ш. Шотемур,

³Таджикский государственный педагогический университет им. С.Айни.

Многие ученые сообщают, что сбор и сохранение различных форм и образцов сельскохозяйственных культур, играют важную роль в процессе селекции по созданию новых адаптированных сортов к изменению климата в будущем (Муминджонов, 2000; Алиев, 2012; Партоев, 2013).

В связи с этим ученые Таджикистана уделяют особое внимание вопросам сбора, сохранения и вовлечение различных генотипов сельскохозяйственных растений и использования их в селекционном процессе.

Целью настоящей работы заключалась, на основе использования методов селекции и биотехнологии создания новых перспективных генотипов сельскохозяйственных культур, изучение их фенотипическую изменчивость, полиморфизм признаков, интенсивность фотосинтеза и показателей продуктивности разных генотипов в различных агроэкологических условиях.

В процессе оценки исходного материала, гибридизации, селекционных и семеноводческих работ по выведению новых сортов сельскохозяйственных культур нами были использованы элитный семенной материал пшеницы (*Triticum aestivum* L.), овса (*Avena sativa* L.), картофеля (*Solanum tuberosum* L.), топинамбура (*Helianthus tuberosus* L.) и хлопчатника (*G.hirsutum* L. и *G. barbadense* L.).Селекционные работы проведены в экспериментальном участке Института ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана, расположенного в восточной части города Душанбе, на высоте 840 м над уровнем моря, а с культурой хлопчатника- на экспериментальном участке Института земледелия Таджикской академии сельскохозяйственных наук. В течение вегетации растений провели основные морфологические и фенотипические наблюдений, определяли основные фазы развития сортов и гибридов растений.

В селекционных программах ученых Института ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана были использованы более: 100 ценных образцов пшеницы, 10 образцов овса, 50 образцов картофеля и 25 образцов топинамбура.

Семян этих образцов были собраны в результате экспедиции в отдалённых селах Республики Таджикистан, с горных районов (на высоте 1800- 3000 м над уровнем моря), а также получены из генетических центров различных научно-исследовательских институтов Российской Федерации, Белоруссии, Узбекистана, Казахстана, Китая и другие страны.

За годы исследования учеными Института земледелия Таджикской академии сельскохозяйственных наук было проведено 2660 скрещиваний хлопчатника по 92 гибридным комбинациям (с кастрацией цветков материнских форм), были получены 1680 гибридных коробочек и более 20 тыс. гибридных семян (F₀) хлопчатника, которые были изучены до F₈₋₁₀ поколений.

Используя метод размножения пробирочных растений и микроклубней в условиях световой комнаты в осенне-зимний - весенний период, нам удалось в два раза сократить сроки изучения и накопления достаточного селекционного материала новых оздоровленных клонов картофеля. На основе этого метода, создан новый сорт картофеля «Таджикистан», который является высокорослым, длина стебля у которого составляет 100-120 см, имеет много листьев. У нового сорта картофеля мало формируются цветков и ягод по сравнению с другими сортами. У нового сорта картофеля клубни округло-овальную форму, красную окраску и хорошие вкусовые качества. Окраска мякоти желтая, с фиолетовым оттенком. Глубина расположения глазков поверхностная, является среднепоздним с вегетационным периодом 110-115 дней. Он устойчив к высокой температуре и недостатку влаги в почве. В настоящее время новый сорт картофеля «Таджикистан» возделывается на площади более 8 тыс. га и превышает по урожайности других сортов картофеля на 20-30%.

В результате использования селекционного метода-отбора среди сорта топинамбура «Интерес» (российской селекции), выделен новый сорт топинамбура «Сарват» («Богатство»), который отличается от исходного сорта «Интерес», более ровные и гладкие клубни. *Необходимо отметить, что на основе наших исследований установлено, что сушеные клубни топинамбура имеют исключительно важное ценное свойство, которые в течение более 10 лет не теряют своих питательных свойств, как продукт питания в будущем. Как известно многие продукты питания, как сушеные абрикосы, тутовника, плоды ореха, зерно зерновых и бобовых культур в течение 2-3 года теряют свои питательные свойства или испортятся вредителями. В отличие от других сухофруктов, сушеные клубни топинамбура в длительное время, при естественных условиях хранения (без использования холодильников) могут сохранить своих полезных и питательных свойств для использования в пищу и не повреждаются вредителями.*

Поэтому сушеные клубни топинамбура могут быть использованы, как ценное стратегическое сырье в решении продовольственной безопасности при изменении климата в будущем.

Селекционные отборы по показателям аттракции продуктивность на одно растение достигло у генотипа «Л-Дусти-ИЗ x С6524» 126,7 г. (Садиков и др., 2022).

В результате жёсткого и направленного отбора в селекционном и конкурсном питомниках в 2010-2022 гг. выявлено и передано Государственной комиссии по сортоиспытанию сельскохозяйственных культур и охране сорта при Министерства сельского хозяйства Республики Таджикистан сорта «Баракат» и «Кубодиён -30».

Таким образом, ученые Института ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана и Таджикского аграрного университета им. Ш. Шотемур на основе использования методов классической селекции, усовершенствование их и современной биотехнологии к настоящему времени получены новые перспективные сорта хлопчатника, пшеницы, картофеля, топинамбура, овса и других сельскохозяйственных культур, которые широко возделываются на полях фермеров республики. Полученные новые сорта сельскохозяйственных культур являются более адаптивными к изменению климата и дают больше экономического эффекта при их выращивании в различных агроэкологических условиях республики.

Список литературы:

1. Алиев К. А. Биотехнология растений: клеточно-молекулярные основы. Душанбе. 2012. – 173 с.
2. Муминджонов Х.А. Селекция и семеноводства картофеля на основе физиологических тестов и методов клеточной биотехнологии// Х.А. Муминджанов // Авторев. дисс. докт. с-х. наук.-Душанбе, 2000.- 51 с.

3. Партоев К. Селекция и семеноводство картофеля в условиях Таджикистана. Душанбе, Дониш, 2013. – 190 с.
4. Садилов А.Т., Драгавцев В.А., Саидзода С.Т. Экологическая адаптивность и продуктивность новых перспективных сортов хлопчатника при выращивании их в различных условиях Республики Таджикистан //Биосфера, т.14, №4. Санкт-Петербург, ООО «Типография Лесник», 2022.-С.389-392.

ФЕНОТИПИЧЕСКАЯ И МОЛЕКУЛЯРНО - ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА КОЛЛЕКЦИОННЫХ ГЕНОТИПОВ *BETA VULGARIS* L.

**Налбандян А.А., Васильченко Е.Н., Федулова Т.П., Черкасова Н.Н.,
Сенютин А.А.**

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свёклы и сахара имени А.Л. Мазлумова», ФГБНУ «ВНИИСС им. А.Л. Мазлумова», 396030, Воронежская область, Рамонский район, п. ВНИИСС, д.86, arpnal@rambler.ru

Длительная селекция сахарной свеклы на повышение урожайности, сахаристости, преодоление нежелательных фенотипических проявлений привела к генетическому истощению культуры. В настоящее время вопрос вовлечения в селекционный процесс новых генотипов является актуальным [1, 2]. Данная культура имеет ограниченное количество морфологических маркеров. Фенотипическая оценка генетической коллекции сахарной свеклы позволит осуществлять оценку биоморфологических признаков, выявлять их полиморфизм и отбирать образцы по уровню проявления данных параметров в качестве нового исходного материала для селекции. Выявленный комплекс фенотипических признаков, определяющий изменчивость между изучаемыми генотипами, упрощает работу с коллекцией, подбор исходного материала для гибридизации. Одной из актуальных задач фенотипирования растений сахарной свёклы является создание систем хранения морфологических показателей и баз данных, способствующих ускорению процесса сбора результатов фенотипических оценок и вовлечению их в селекционный процесс. Для успешной селекционной работы с сахарной свёклой необходимо комплексное изучение имеющихся генетических коллекционных материалов, изучение их генетической изменчивости, идентификации генов хозяйственно ценных признаков и установление их источников и доноров [3].

Цель исследований - создание экспериментально-компьютерной базы данных фенотипирования растений сахарной свёклы на основе анализа взаимосвязи признаков фенотипа растений с генотипом.

Фенотипирование генетической коллекции (300 генотипов) в полевых условиях проводили согласно методике проведения испытаний на отличимость, однородность и стабильность (ООС) по сахарной свекле [4]. Интерес для селекции представляют исследования исходных материалов сахарной свеклы на наличие минисателлитных локусов TRs, связанных с цитоплазматической мужской стерильностью [5, 6] и определение их пloidности.

В результате проведенных молекулярно-генетических исследований из 118 образцов сахарной свеклы выделено 27 генотипов закрепителей стерильности Оуэн типа (О-типа). Данные материалы при амплификации с парами праймеров TR1 и TR3 обнаружили в своем геноме ДНК-фрагменты 700 п.н. и 500 п.н., соответственно. Мужкостерильные формы ранжировать оказалось труднее, так как по электрофоретическому профилю чистые МС-линии и простые гибриды на МС-основе имеют один и тот же паттерн. В результате Выявлены, 20 МС-линий. В их геноме определены ДНК-ампликоны размером 400 п.н. Из ФГБНУ ВНИИССБ, 2025 г.

118 образцов, проанализированных по плоидности методом проточной цитометрии, диплоидных форм (2n) оказалось 110 номеров, триплоидных (3n) - 5 генотипов, тетраплоидных (4n) – 3 номера. Выделенные генотипы рекомендованы селекционерам для привлечения в селекционный процесс, как новый исходный материал.

По результатам проведения испытаний, согласно методике на ООС, были составлены индивидуальные биоморфологические и молекулярно-генетические характеристики на каждый генотип сахарной свеклы (300 шт.), которые занесены в электронную базу данных для использования в селекционном процессе перспективных образцов, различающихся по интересующим признакам.

Список литературы

1. McGrath M. Plant Breeding Reviews //Sugar Beet Breeding (ch5). - 2018.- P. 167–218. doi:10.1002/9781119521358.
2. Мелентьева С. Генофонд для селекции сахарной свёклы // Сахар. - 2020. - № 9. - С. 46-49. doi.org/ 10.24411/2413-5518-2020-10906.
3. Общие положения методики по испытанию селекционных достижений на отличимость, однородность и стабильность (ООС) // Государственная комиссия РФ по испытанию и охране селекционных достижений. - 1994.- 14 с.
4. Taguchi K., Kuroda Y., Okazaki K., Yamasaki M. Genetic and phenotypic assessment of sugar beet (*Beta vulgaris*L. subsp. *vulgaris*) elite inbred lines selected in Japan during the past 50 years // Breed Sci. - 2019. - V.69(2). - P. 255-265. doi: 10.1270/jsbbs.18121
5. Monteiro F., Frese L., Casto S. Genetic and Genomic Tools to Assist Sugar Beet Improvement: The Value of the Crop Wild Relatives. // Front Plant Sci. - 2018. - V.9. - Article 74. doi.org/10.3389/fpls.2018.00074
6. Nishizawa S., Kubo T., Mikami T. (2000) Variable number of tandem repeat loci in the mitochondrial genomes of beets // Curr Genet. - 2000. – V.37. – P. 34–38. doi: 10.1007/s002940050005

ИЗУЧЕНИЕ СОРТОВ ЦИКОРИЯ В УСЛОВИЯХ ТАДЖИКИСТАНА

Сатторов Б.Н.¹, Астайкина А.А.², Кубарев Е.², Партоев К¹.

¹ Институт ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана, г.

Душанбе, E-mail: bacca6600@mail.ru

² Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, г. Москва,

Цикорий (лат. *Cichórium*) – род двулетних или многолетних трав семейства Астровые, или Сложноцветные. Род включает в себя два культивируемых вида. Оптимальной климатической зоной для выращивания цикория та, которая обеспечивает длину вегетационного периода в 120 дней и более при +10°C и выше; не менее 200-250 мм осадков за 120 дней от момента всходов до начала уборки и сумму эффективных температур в пределах 2100-2400°C. Семена цикория во влажной почве при температуре +9°C формируют всходы на 5-8 день после посева. При неблагоприятных условиях развития зародышей период всходов может продолжаться до 2-3 недель. Цикорий следует размещать в пропашном поле севооборота на хорошо окультуренных почвах с глубоким пахотным горизонтом, не менее 25 см, со средней и высокой обеспеченностью азотом, фосфором и калием.

Размножается растение сразу двумя способами: семенным и корневым. Корни делятся на части, каждая из которых – основа нового кустарника. Цикорий именуют, как растение-часы. Ярким утром цветок раскрывается, но с наступлением пасмурной погоды или вечера цветки закрываются моментально. Эта культура – хороший медонос: цветет до 3 месяцев, давая много пыльцы и нектара. Чтобы заготовить семена, нужно «запаковать» цветоносы марлевыми колпаками, бумажными конвертами или пакетами на 21 день после зацветания. С началом срока сбора срезать соцветия со стеблем, развесить в теплом вентилируемом помещении для созревания. В итоге семена опадут в подготовленные емкости (<https://dachamechty.ru/ovoshhi/tsikorij-vyrashhivanie-v-ogorode.html>).

Полевые опыты по изучению сортов цикория проведены на экспериментальном участке Института ботаники, физиологии и генетики растений Национальной академии наук Таджикистана, расположенном на высоте 840 м над уровнем моря, в восточной части г. Душанбе. Почвы опытного участка серозем обычный, староорошаемый (Акрамов, 1987). Схема посева была 50 x 25 см (на 1 гектаре 80 тыс. растений). Посевы проведен в начале мая, а уборка урожая в начале ноября. Предшественником были многолетние травы. Глубина заделки семян цикория составила 0,5-1,0 см. Повторность делянок в опыте – трехкратная. После проведения посевов провели вспомогательный полив, чтобы получить всходы. После появления всходов провели прореживание, оставляя на один погонный метр по 3-5 растений. В течение вегетации внесли только одну подкормку (аммиачной селитры – 50 кг г/га д.в.). Поливали растения 9 раз, с расходом поливной воды за вегетацию примерно 2,0 тыс.м³/га. За вегетацию провели четыре раза рыхления междурядий (вручную). Для учета урожайности с каждой делянки брали по 3 растения, всего 12 растений с каждого сорта. С каждого сорта цикория брали образцы для высушивания органов растений и определения сухой массы. Статистическую обработку данных провели методом дисперсионного анализа (Доспехов, 1985).

Как показали наши исследования полевая всхожесть сортов цикория колебалась от 60 до 90%. В среднем по всем сортам всхожесть составила 72,5%. Проведенные наблюдения показали, что обработанные фунгицидами семена перед посевом сорта Петровский имеют более высокую полевую всхожесть, чем необработанные семена этого сорта (на 30%). Это свидетельствует о положительном эффекте предпосевной обработки семян цикория в условиях Таджикистана. В среднем всхожесть семян по четырем сортам цикория составила 72,5%. Опыты показали, что по признаку «длина листьев» высокий показатель наблюдается по сортам Петровский (необработанные семена) и Ростовский. Длина корнеплода у сорта Петровский (обработанный) составила 47 см, что на 12 см (34,3%) больше, чем у этого сорта без обработки семян. Самый короткий корнеплод наблюдался по сорту Ярославский (30 см), что на 17 см (56,6%) короче, чем сорт Петровский (обработанный). По массе листьев (г/растение) более высокие показатели отмечены у сорта Петровский (обработанный) (140 г/растение), наиболее низкий показатель у сорта Ярославский (90 г/растение), то есть на 50 г/растение (или же на 55,56%), меньше, чем сорт Петровский (обработанный). Наиболее крупные корнеплоды сформированы также у сорта Петровский (обработанный). В среднем масса одного корнеплода у этого сорта составила 650 г/растение, что на 250-400 г/растение (или же на - 160%), чем другие сорта цикория. Таким образом, в условиях Таджикистана наиболее продуктивным оказался сорт Петровский (обработанный фунгицидами семян).

Также сорта цикория отличаются между собой по признакам масса корней, масса листьев и общая биологическая масса. По признаку масса листьев высокий показатель наблюдался у сорта Петровский (обработанный фунгицидами семян) (11,2 т/га), что на 4 т/га больше (55,56%), чем у сорта Ярославский. Также этот сорт превышает по массе листьев на 1,6 т/га (или же на 16,67%) сорт Ростовский. Сравнительно низкий показатель по данному признаку установлен у сорта Ростовский (9,6 т/га).

По основному признаку масса корнеплода мы наблюдаем наибольший показатель у сорта Петровский (обработанный фунгицидами семян). Урожай корнеплода у этого сорта цикория составляет с гектара 52,0 тонны, что по сравнению с сортами Ярославский и Ростовский на 26,8-32 тоны соответственно больше или на 106,4% и 160,0%. Следует отметить, что урожай сорта цикория Петровский из обработанных семян на 20 т/га больше (или 38,5%), чем выращивание данного сорта от необработанных семян.

Исследования показали, что сорт Петровский (обработанный) также по общей биологической массы значительно превышает других сортов цикория. Данный сорт цикория по общей биомассы превышает других сортов в 1,5-2,0 раза. Сорт Петровский при выращивании с обработанных семян, также существенно превышает по общей биомассе, когда выращивается из необработанных фунгицидами семян (20,8 т/га или же 49,1%).

Ученые Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова и Института ботаники, физиологии и генетики растений Национальной академии наук Таджикистана планируют получению натуральное кофе из корнеплодов цикория.

Список литературы:

Акрамов Ю.А. Органическое вещество почв вертикальных поясов Таджикистана и его роль в почвообразовании и земледелии / Ю.А. Акрамов // Душанбе, Дониш:1987.- 182с.

Доспехов Б.А. Методика полевого опыта. М.: 1985.- 385 с.

<https://dachamechty.ru/ovoshhi/tsikorij-vyrashhivanie-v-ogorode.html>).

СКРИНИНГ КОЛЛЕКЦИИ МЯГКОЙ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ НА НАЛИЧИЕ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ

Алкубеси М.^{1,2}, Черноок А.Г.¹, Дивашук М.Г.^{1,2}

**1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ – ВНИИСБ), Москва 127434; Email:
malak94kifuh@gmail.com**

**2 – ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А.
Тимирязева» (РГАУ- МСХА им. К.А. Тимирязева), Москва 127434**

В России озимая мягкая пшеница (*Triticum aestivum*) возделывается повсеместно и занимает около 40-45% посевных площадей среди мягких сортов пшеницы, что составляет более 2 млн гектаров. Наибольшие площади выращивания сосредоточены в южных регионах страны, таких как Ростовская, Волгоградская области и Ставрополье. Селекция пшеницы на устойчивость к болезням остаётся одним из главных направлений современной селекции [1]. Создание новых устойчивых сортов позволит обеспечить продовольственную безопасность в условиях изменяющегося климата и появления новых рас патогенов. Среди наиболее известных генов устойчивости к грибным заболеваниям можно выделить большую группу генов устойчивости к листовой (бурой) ржавчине *Lr*, это заболевание вызывается грибом *Puccinia triticina* Erikss. Всего известно 67 генов *Lr*, 59 из которых контролируют ювенильную и 13 (*Lr*:10,12,13,22a,22b,27,31,34,35,37,46,48,49) возрастную резистентность [2]. Также одним из вредоносных заболеваний пшеницы является септориоз (*Zymoseptoria tritici*) [3]. Возбудителями этого заболевания являются грибы, относящиеся к отделу *Ascomycota*, классу *Ascomycetes* и подклассу *Dothideomycetidae*. *Zymoseptoria tritici*,

Parastagonospora nodorum и *P. pseudonodorum*: эти патогены могут вызывать значительные потери урожая злаковых культур во всем мире, потенциально достигающие 30–40 % [4].

Новые устойчивые сорта получают путём скрещивания растений пшеницы доноров генов устойчивости с последующей проверкой полученных гибридов в лаборатории и поле. Также для переноса генов устойчивости проводят скрещивания с дикорастущими видами и рожью, так, например, используют пшенично- ржаные транслокации такие как 1BL.1RS и 1AL.1RS. Эти транслокации несут участок хромосомы 1RS от ржи (*Secale cereale*), содержащий такие гены устойчивости, как *Lr26* (к листовой ржавчине), *Sr31* (к стеблевой ржавчине) и *Pm8* (к мучнистой росе). Использование молекулярных маркеров позволяет быстро и эффективно проводить отбор устойчивых форм, что позволяет сокращать объём работы и ускорять процесс создания нового сорта.

В данном исследовании мы провели анализ коллекции озимой мягкой пшеницы предоставленной «Щёлково Агрохим» на наличие генов устойчивости к грибным заболеваниям (60 сортов). Среди изученных генов были такие гены устойчивости как *Lr6Agi2*, *Lr19*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr37*, *Lr45* и ген восприимчивости *Tsn1*.

ДНК растений выделяли с использованием СТАВ протокола. Для генотипирования проводили классическую ПЦР с последующим электрофорезом в агарозном геле для каждого из генов: *Lr6Agi2*, *Lr19*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr37*, *Lr45* и *Tsn1* [5,6,7,8,9,10,11,12,13,14] соответственно. Для идентификации гена *Lr26* также использовали высокоспецифичный SNP-маркер KASP, который показал аналогичные результаты с маркером SCM9.

По результатам генотипирования в коллекции было выявлено наличие таких генов устойчивости как *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*, *Lr45* в соотношении 25%, 20%, 28% и 3%, соответственно, от общего числа образцов. Отсутствие гена восприимчивости к септориозу (*Tsn1*) было выявлено у 78% сортов. Также было выявлено присутствие нескольких генов устойчивости *Lr* одновременно, так, например у 7 сортов – одновременно 2 гена, и у 1 сорта – 3 гена *Lr*. Таких генов как *Lr19*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr29* и *Lr6Agi2*, в коллекции выявлено не было. Полученные нами данные могут быть использованы при выборе доноров генов устойчивости при создании новых устойчивых сортов.

Список литературы:

1. Sandukhadze B.I., Mamedov R.Z. Krakhmalyova M.S., Scientific breeding of winter bread wheat in the Non-Chernozem zone of Russia: the history, methods and results, Вавиловский журнал генетики и селекции. 2021;25(4):367-373, <https://doi.org/10.18699/VJ21.53-o>
2. McIntosh R.A.; Wellings C.R.; Park R.F., (2012), Wheat Rusts.
3. Zeleneva Yu., Natalya Zubko N., Kokhmetova A., Characteristics of Zymoseptoria tritici isolates from the Russian Federation and the Republic of Kazakhstan by azoxystrobin sensitivity, BIO Web of Conferences 139, 04002 (2024), <https://doi.org/10.1051/bioconf/202413904002>
4. Ficke A., Cowger C., Bergstrom G., Brodal G. Understanding yield loss and pathogen biology to improve disease management: Septoria nodorum blotch – a case study in wheat. Plant Disease. 2018;102(4):696-707. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-17-1375-FE>
5. Салина Е.А. и др., Способ создания линий озимой мягкой пшеницы с комплексной устойчивостью к бурой и стеблевой ржавчине и мучнистой росе, Патент № 2598275
6. Prins R. et al. (2001). *AFLP and STS tagging of Lr19, a gene conferring resistance to leaf rust in wheat*. Theor Appl Genet, 103:618-624, DOI: 10.1007/PL00002918
7. Abdelbacki A. M. M. et al., Identification of leaf rust resistant genes *Lr9*, *Lr25*, *Lr28*, *Lr29* and *Lr67* in ten Egyptian wheat cultivars using molecular markers, International Journal of Biotechnology Research Vol. 2(7), pp. 089-096, 2014

8. Saal, B.; Wricke, G. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome* 1999, 42, 964–972.
9. Konkin D. et al., Genomic sequencing of *Thinopyrum elongatum* chromosome arm 7EL, carrying fusarium head blight resistance, and characterization of its impact on the transcriptome of the introgressed line CS-7EL, 1. *BMC Genomics* (2022) 23:228. doi.org/10.1186/s12864-022-08433-8
10. Singh, D., Park, R. F., & McIntosh, R. A. (2007). Characterisation of wheat leaf rust resistance gene Lr34 in Australian wheats using components of resistance and the linked molecular marker csLV34. *Australian Journal of Agricultural Research*, 58(11), 1106–1114.
11. Helguera M. et al., PCR Assays for the Lr37-Yr17-Sr38 Cluster of Rust Resistance Genes and Their Use to Develop Isogenic Hard Red Spring Wheat Lines, *Crop Sci.* 43:1839–1847 (2003).
12. Friebe B. et al., Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status, *Euphytica* 91: 59-87, 1996.
13. Faris J.D., Zhang Z., Lu H.J., et al., A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. 2010;107:13544-13549. <https://doi.org/10.1073/pnas.1004090107>

INCREASING WILT DISEASE RESISTANCE OF COTTON (*GOSSYPIUM*) BASED ON GENETIC ENGINEERING (RNAi)

Bozorov I.E., Darmanov M.M., Ayubov M.S., Norov T.M., Khusenov N.N., Buriev Z.T.
*Center of Genomics and Bioinformatics, Uzbekistan Academy of Sciences (CGBASRU),
Tashkent 111215, Uzbekistan; E-mail: bilhomjon9508@gmail.com*

Fusarium oxysporum f.sp. *vasinfectum* (FOV) is one of the most destructive diseases of cotton (*Gossypium* spp.). The pathogen causes the loss of a large part of the crop in cotton production every year around the world. Nowadays, it is very important to develop resistant and environmentally friendly methods of combating pathogens.

HIGS is a modern genomic technology that is widely used in plant genetics. In this study, we aimed to silence the *LaeI* gene, which is important for the life of fungi, using the HIGS method. The obtained transgenic lines showed significant resistance to FOV compared to the control plants, and the development of disease symptoms was delayed.

Plant material and fungal strain. In this research, cotton line Coker-312 (*G. hirsutum*) regenerated in somatic embryogenesis and transgenic cotton containing its genetic construction, Bukhoro-8 variety, Tam.cot cotton line and wild strain of FOV were used.

RNAi vector construction. To copy a certain region (gene sequence) of the *LaeI* gene, a primer corresponding to this gene sequence was initially designed. Then, using these primers, an amplicon (a specific section of the candidate gene) was synthesized from the genomic DNA of FOV by polymerase chain reaction (PCR). The obtained PCR product (amplicon) was transformed into *Agrobacterium tumefaciens* strain using vector constructions [1]. Cotton transformation and somatic embryogenesis. In this study, we introduced the *pHellsGate-8_LaeI* vector construct into the cotton plant using the methods implemented by world scientists [2, 3, 4].

For the experiment, the T₅ generation cotton line (resistant to fusarium wilt disease) carrying the *Lae-I* gene construct and the Coker-312 and Tam cot lines (susceptible to disease) and the Bukhoro-8 varieties were selected as control plants for this line. The plants taken for the experiment were infected with the fungus FOV. As the most important abiotic factors for the fungus are temperature, humidity and nutrients, the relative humidity and nutrient content of the

soil at room temperature of 25-26 C were sufficiently formed. This optimal environment will be favorable conditions for the germination of cotton seeds and mycelium of the fungus in the soil. Plants in the experiment were watered with the same amount (50 ml) depending on the dehydration of the soil. Cotton seeds germinated in 3-4 days. From the second week of the experimental day, true leaves began to emerge, and within 2-3 weeks, true leaves were formed on all plants. In 4-5 weeks of the experiment, the plants began to show symptoms of the disease. Depending on the morphological changes in the plants, the degree of damage by fusarium wilt was evaluated on a five-point scale.

According to the results, susceptible lines obtained as a control for transgenic cotton showed high sensitivity to the strain of FOV. This manifested as yellowing and wilting of leaves and stems of plants, with complete death of plants in the final stage of the disease determined. At the same time, it was found that the disease resistance index of transgenic plants is higher compared to that of control.

RNA interference technology is one of the main methods for increasing plant resistance to the FOV pathogen in cotton. According to the results of the research, it was found that the transgenic cotton line containing the *Lael* gene construct obtained by RNAi technology is more resistant to FOV than other cotton varieties and lines.

Reference

1. Helliwell, C. A., Wesley, A. V., Wielopolska, A. J. & Waterhouse, P. M. High-throughput vectors for efficient gene silencing in plants. *Funct. Plant. Biol.* 2002. 29(10):1217–1225
2. Sunilkumar, G. & Rathore, K. S. Transgenic cotton: factors influencing *Agrobacterium*-mediated transformation and regeneration. *Mol. Breed.* 2001. 8:37–52.
3. E Firoozabady, D L Deboer, D J Merlo, E L Halk, L N Amerson, K E Rashka, E E Murray. Transformation of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) by *Agrobacterium tumefaciens* and regeneration of transgenic plants. *Plant Mol. Biol.* 1987. 10(2):105–116.
4. Stewart, J. M. & Hsu, C. L. In ovule embryo culture and seedling development of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Planta.* 1977. 137(2):113–117.

НАПРАВЛЕННЫЙ МУТАГЕНЕЗ ГЕНА *SENH3* ДЛЯ ИНДУКЦИИ ГАПЛОИДИИ У ТОМАТА С ЦЕЛЬЮ УСКОРЕННОГО ПОЛУЧЕНИЯ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ

Черняев К.А.^{1,2}, Фомичева М.Г.²

1- МИРЭА – Российский технологический университет (РТУ МИРЭА), Москва, Россия

2- ФГБНУ Федеральный научный центр овощеводства (ФГБНУ ФНЦО), Одинцово, Россия

skdw12345@gmail.com

Одной из ключевых проблем современной селекции выступает необходимость в ускоренном создании конкурентоспособных сортов и гибридов овощных культур. Значительного сокращения сроков выведения новых линий можно достичь, применяя технологию удвоенных гаплоидов (ДН-технологию), в частности, методы гиногенеза и андрогенеза. Их главное преимущество — получение абсолютно гомозиготных линий всего за одно поколение. Хотя эти подходы успешно зарекомендовали себя для многих видов, для томата методика получения удвоенных гаплоидов до сих пор не создана.

Перспективной альтернативой в этой области является использование гаплоиндукторов — специальных линий, при скрещивании с которыми происходит элиминация их генома, что приводит к формированию гаплоидных растений с хромосомным набором второго родителя. Современные инструменты геномного

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

редактирования, такие как система CRISPR/Cas, позволяют создавать такие индукторы путем направленного изменения гена *CENH3*. Этот ген кодирует центромерный гистон, и его модифицированные варианты уже доказали свою эффективность для индукции гаплоидии у различных модельных и сельскохозяйственных видов, включая *Arabidopsis thaliana*, пшеницу и кукурузу.

Целью данного исследования является разработка гаплоиндуктора томата с помощью CRISPR/Cas-редактирования гена *CENH3*. В качестве исходного материала были выбраны антоциановые сорта, имеющие выраженную пигментацию проростков. Данный признак служит удобным визуальным маркером: при успешной элиминации генома гаплоиндуктора гаплоидные проростки будут лишены антоциановой окраски, что упростит их идентификацию.

В рамках работы был проведен филогенетический анализ нуклеотидных и аминокислотных последовательностей гена *CENH3* у различных растений с целью выявления наиболее консервативных участков, поскольку их редактирование, согласно различным научным публикациям, повышает эффективность гаплоиндукции. Также было выполнено секвенирование гена *CENH3* у ряда отечественных и зарубежных сортов томата. На основе полученных данных проведен подбор гидовых РНК, нацеленных на консервативные домены *CENH3*, с учетом возможного off-target эффекта и прогнозируемой эффективности. Затем был осуществлен дизайн и молекулярное клонирование этих гидовых РНК в плазмидный вектор, несущий все необходимые компоненты системы редактирования.

Параллельно оценивалась способность к регенерации *in vitro* у двух российских сортов томата с высоким содержанием антоцианов. В результате этого был определен наиболее подходящий генотип для последующей трансформации. Для оптимизации методики проведена серия экспериментов по агробактериальной трансформации, в ходе которых тестировались разные штаммы агробактерий, типы эксплантов и варианты гормонального состава питательных сред на различных этапах трансформации и регенерации.

Разработка успешного протокола позволит впервые создать эффективный гаплоиндуктор для томата. Это откроет новые горизонты для селекции данной культуры, обеспечивая быстрое получение полностью гомозиготных линий, что, в свою очередь, значительно сократит время и повысит результативность селекционных программ по созданию новых сортов и гибридов томата.

Работа поддержана Министерством науки и высшего образования Российской Федерации (грант № 075-15-2025-577)

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БЕЛКОВЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ СОРТОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ПШЕНИЦЫ ТВЕРДОЙ В БЕЛАРУСИ

Дуктова Н.А., Егоров С.В., Бугрова Е.А.

УО «Белорусская государственная орденов Октябрьской Революции
и Трудового Красного Знамени сельскохозяйственная академия» (УО БГСХА),
Горки 213410, УЛ. Мичурина, 5, Республика Беларусь; n.a.duktova@yandex.by

Селекционная работа с *Triticum durum* осуществляется в Белорусской государственной сельскохозяйственной академии с 1998 года, нами собрана коллекция генотипов различного эколого-географического происхождения, насчитывающая 286 образцов из 39 стран мира. В результате скрининга генофонда были выделены образцы, перспективные для использования в качестве исходных форм в селекции на ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

продуктивность, качество зерна и биологическую устойчивость, сформировано 9 признаков коллекций. В результате исследований было создано 8 сортов пшеницы, включены в Государственный реестр первые отечественные сорта яровой и озимой твердой пшеницы – Розалия, Славица. Валента, Владлена, Михета. С 2008 года развернуты исследования по изучению биохимических особенностей генотипов пшеницы различного эколого-географического происхождения, а также исследования по использованию биохимических маркеров в селекции и семеноводстве.

Использование белковых маркеров является одним из эффективных методов оценки внутренней гетерогенности генотипов и успешно используется как для сортовой идентификации в семеноводстве и сортовом контроле, так и в селекции для выделения маркерных биотипов спектра, что позволяет на 2-3 года сократить сроки сортосмены ввиду отсутствия необходимости многолетней проверки потомства на наличие искомого признака.

Метод электрофоретического фракционирования основан на разделении веществ по подвижности в электрическом поле. В качестве фракционируемого агента выступают запасные белки семян глинады. Сущность метода состоит в экстрагировании запасного белка из навески муки каждого индивидуально исследуемого семени посредством водного раствора этилового спирта. Экстрагированные проламины (глиадин, глютеин) фракционируются в полиакриламидном геле (ПААГ) в условиях кислой среды (pH 3,1–3,2) с формированием визуально выраженной картины распределения белковых фракций в структуре геля. Полученный белковый спектр, содержит уникальную индивидуальную характеристику каждого проанализированного генотипа в виде белковых компонентов разной подвижности и степени интенсивности. Электрофоретические спектры проламинов специфичны не только для сорта, но и для более мелких структурных единиц сортовой популяции – линий, биотипов. Полученные электрофореграммы глинады определенного образца сопоставляют с электрофоретическим спектром эталона, полученным на основе оригинальных семян данного сорта (биотипа, линии), или спектром сорта-стандарта с известными реперными позициями компонентов. При этом, узким местом методики является высокая субъективность идентификации полученного спектра. Нами на базе Испытательной лаборатории качества семян УО БГСХА (аттестат аккредитации № ВУ/112 02.1.0.0425) была усовершенствована методика ЭФА запасных белков семени и принята идентификация компонентов и составление сортовых формул на основе реперных компонентов спектра полученных у сорта-стандарта (Мироновская 808). Идентификационными, уникальными признаками являются распределение компонентов по позициям спектра (относительная подвижность) и степень их интенсивности. Определение порядкового номера компонента у анализируемого образца проводим путем сопоставления с известными позициями спектра (маркерными компонентами) у сорта-стандарта. По результатам анализа составляется сортовая формула, являющаяся «биохимическим паспортом», позволяющим идентифицировать сорт. Сортовая белковая формула включает номера компонентов, имеющих в спектре глинады сорта и их степень интенсивности.

Нами был проведен анализ более 500 генотипов пшеницы и установлено, что отличия их между собой обуславливались, главным образом, за счет четко выраженных различий белковых компонентов спектра по величинам R_f , что позволяет позиционировать последние в качестве полноценных сортовых маркеров (маркеров отдельного генотипа, линии). Число таких маркеров у пшеницы твердой находится в пределах от 1 до 3 единиц, что является достаточным для однозначной идентификации или паспортизации генотипа. Межсортная дифференциация, идентифицируемая по степени интенсивности отдельных белковых компонентов спектра, так же имеет проявление, хотя и у меньшего числа генотипов – 80 %. Однако, учитывая наличие достаточного числа маркеров с различиями по подвижности, идентификация маркеров различных по степени интенсивности в данном

случае, может быть рассмотрена как, вспомогательный критерий дифференциации и сортовой идентификации.

В целом, весь спектр глиадинов сортов твердой пшеницы можно дифференцировать с позиций редко и часто встречающихся компонентов в разрезе белковых субфракций. К числу общих позиций спектра всего набора проанализированных сортов были отнесены компоненты с подвижностью 26, 35, 38, 41, 55, 58, 65, 85, 90 встречающиеся у 70 % проанализированных генотипов. Данный набор белковых компонентов можно отнести к видоспецифичным маркерам, характерным для представителей *Triticum durum*. Следует отметить отсутствие белковых компонентов с Rf в пределах 10-17, что обусловлено особенностями генетического контроля синтеза глиадинов в геноме твердой пшеницы в отсутствии хромосомного набора генома D. К числу уникальных, единичных белковых компонентов были отнесены позиции 43, 48, 42, 95, 97, 98 встречающиеся только у 8 % проанализированных генотипов.

В ходе исследования биохимической структуры генотипов нами был сформирован наиболее оптимальный алгоритм составления сортовых белковых формул, формирования белковых паспортов для целей каталогизации сортов, целей практических алгоритмов селекции и семеноводства: белковые компоненты идентифицируются путем оценки их относительной подвижности или по зонам спектра; определение порядкового номера белкового компонента у анализируемого образца проводят путем сопоставления с известными позициями спектра (маркерными компонентами) у сорта-стандарта; составление сортовых формул на основании идентифицированного значения подвижности белкового компонента и степени его интенсивности; сопоставления полученных белковых спектров индивидуальных семян оцениваемого сорта с электрофоретическими спектрами, полученными на оригинальных семенах анализируемого сорта; сопоставление сортовых формул оцениваемого сорта и «оригинальной» сортовой формулы.

Для целей семеноводства, оптимальным является использование характеристик по критериям «суммарная формула», «маркеры биотипов» отражающие идентификационные критерии генотипа, выражаемые через белковый электрофоретический спектр. Критерий «градация внутренней полиморфности» может служить в качестве сравнительной характеристики при оценке генетической конституции, как в ходе сортоиспытания, так и в ходе осуществления семеноводства. Для целей практической селекции суммарная формула менее информативна, в данном случае важно идентифицировать маркеры, определяющие внутреннюю полиморфность (маркеры биотипов) и маркеры, опосредованно связанные с проявлением селекционно-ценных признаков.

ТКАНЕСПЕЦИФИЧНЫЙ ПАТТЕРН ПРОМОТОРА ГЕНА А-ГАРПИНИНА *SM-AMP-X* ИЗ *STELLARIA MEDIA* В ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЯХ

Иванова Л.А., Комахин Р.А.

**Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»
(ФГБНУ ВНИИСБ),**

127550, Москва, Тимирязевская, 42 E-mail: recombination@iab.ac.ru

Антимикробные пептиды (АМП) - важная часть иммунитета растений для защиты от различных патогенов и вредителей. АМП подразделяются на несколько семейств в

соответствии с положением дисульфидных мостиков в аминокислотных последовательностях. Одним из семейств АМП являются α -гарпинины.

В растениях мокрицы (*Stellaria media*) пептид α -гарпинин Sm-AMP-X продуцируется в семенах как белок-предшественник (1). Он обладает антимикробной активностью, подавляет прорастание конидий и удлинение гифов некоторых фитопатогенных грибов, в микромолярном диапазоне концентраций. Первоначально мРНК гена *sm-amp-x* обнаружили только в проростках и цветках на высоком уровне. В геноме мокрицы также обнаружили два высокоомологичных α -гарпинин-подобных гена *sm-amp-x- ψ 1* и *sm-amp-x- ψ 2*, которые были признаны псевдогенами.

В настоящем исследовании обнаружили мРНК гена *sm-amp-x* во всех изученных органах мокрицы (листья, стебли, корни, цветки) на более низком (практически базальном) уровне, чем мРНК гена домашнего хозяйства *b-актина* (2). Расхождение в оценках транскрипции гена *sm-amp-x* может быть связано с различными условиями амплификации кДНК и возрастом цветков (бутонов), использованных для анализа. В нашем исследовании количество циклов амплификации было увеличено с 30 до 33, что позволило более эффективно выявлять базальную экспрессию в корнях, листьях и стеблях.

Промоторная область *sm-amp-x* была изолирована: клонированы две геномные последовательности идентичные на 83% в их коровых и проксимальных областях. Установили, что одна последовательность (GenBank OL452008) принадлежит *sm-amp-x*, а вторая (GenBank OL452009) является промотором псевдогена *sm-amp-x- ψ 2* (2).

Оценку свойств новых промоторов выполнили в бинарных векторах для агробактериальной трансформации растений, которые различаются по организации кассет экспрессии в области Т-ДНК.

Во-первых, в составе оригинального бинарного вектора pCambia 2301, несущего энхансер 2 \times CaMV35S для управления селективным геном в области Т-ДНК, новые промоторы демонстрировали высокую эффективность для экспрессии репортера *uidA* во всех изученных органах трансгенных растений арабидопсиса и картофеля, что не соответствовало транскрипционным данным в мокрице (2). В трансгенных растениях по данным анализа 5'-RACE, оба растительных промотора были стимулированы энхансером 2 \times CaMV35S, используемым для экспрессии селективного гена. В использованных генетических конструкциях исключение 2 \times CaMV35S из области Т-ДНК значительно снижает эффективность промотора *sm-amp-x- ψ 2* для экспрессии репортера *uidA*.

Во-вторых, для проверки способности новых промоторов работать независимо от других промоторов в области Т-ДНК, создали новые генетические конструкции на основе оригинального бинарного вектора pCAMBIA2300 (2). В этих конструкциях экспрессия селективного гена *nptII*, отвечающего за устойчивость к антибиотику канамицину, управлялась новыми промоторами, и отсутствовали дополнительные кассеты экспрессии в области Т-ДНК. В составе этих генетических конструкций оба промотора из мокрицы позволяли проводить отбор трансформированных каллусов и побегов растений табака на питательной среде с антибиотиком канамицином и продуцировали соответствующие транскрипты в листьях и стеблях с эффективностью заметно ниже, чем известный вирусный промотор CaMV35S. В целом, этот паттерн растительных промоторов лучше соответствовал нашим транскрипционным данным в мокрице. Полученные результаты дополнительно свидетельствовали о том, что ген *sm-amp-x- ψ 2* не является псевдогеном. Однако экспрессия *nptII* не позволяет визуализировать клетки, ткани и стадии развития трансгенных растений в которых проявлялась активность новых промоторов.

В настоящее время создали еще одну генетическую конструкцию на основе бинарного вектора pCambia2300, в которой промотор *sm-amp-x- ψ 2* контролировал экспрессию репортерного гена *uidA* и промотор растительного происхождения pro-SmAMP2 управлял экспрессией селективного гена *nptII*. Установили, что в трансгенных

растениях картофеля ген *uidA* был экспрессирован при помощи промотора *sm-amp-x-ψ2* на очень низком уровне, недостаточном для продукции репортерного белка. Однако, у трансгенных растений арабидопсиса ген *uidA* экспрессировался при помощи промотора *sm-amp-x-ψ2* на высоком уровне в семенах и проростках (семядоли, гипокотиль, корни) примерно до 9 дня с момента прорастания. Активность нового промотора не была обнаружена к 18 дню наблюдений в настоящих листьях. Таким образом, в данной генетической конструкции промотор активен, обладает специфичным для проростков и семян паттерном, который хорошо соответствует транскрипционным данным в мокрице. Проросток-специфичные и семя-специфичные промоторы могут быть использованы в биотехнологии культурных растений для решения многих задач, например, для продукции рекомбинантного белка только в семенах, для защиты растений от патогенов на стадии семян и проростков или для отбора трансформированных проростков растений на селективных питательных средах.

Работа выполнена при поддержке государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (FGUM-2025-0004).

Список литературы:

1. Slavokhotova A.A., E.A. Rogozhin, A.K. Musolyamov, et al. Novel antifungal α -hairpinin peptide from *Stellaria media* seeds: structure, biosynthesis, gene structure and evolution // Plant Mol Biol.-2014;84(1-2):189-202. doi:10.1007/s11103-013-0127-z
2. Ivanova L.A., Komakhin R.A. Efficiency of the alpha-hairpinin SmAMP-X gene promoter from *Stellaria media* plant depends on selection of transgenic approach // Transgenic Research–2024;33(1): 1-19. doi:10.1007/s11248-023-00374-6

ВИДОВОЙ СОСТАВ *FUSARIUM* SPP. В МОСКОВСКОЙ ОБЛАСТИ И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА РАЗВИТИЕ КОРНЕВОЙ СИСТЕМЫ *CUCUMIS SATIVUS* L.

Каменева А.В.^{1,2}, Слетова М.Е.¹, Чижик В.К.^{1,2}, Мартынов В.В.²

1 – ФГБНУ «Федеральный научный центр овощеводства» (ФГБНУ ФНЦО) Московская обл., п. ВНИИССОК 143080; E-mail: alina.malina1290@gmail.com

2 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550

В состав микробиологического консорциума почвы входят и представители грибов рода *Fusarium*, которые относятся к факультативным паразитам и, при возникновении благоприятствующих погодно-климатических условий, способны приводить к развитию фузариоза и стремительной гибели растений [1]. Патогены способны поражать растения на любой стадии развития, а также выделять микотоксины, опасные для здоровья человека.

При проведении фитосанитарных обследований культур семейства Cucurbitaceae L. в Московской области, из пораженных частей растений были выделены в чистую культуру изоляты грибов *Fusarium* spp., видовая принадлежность которых, была определена методом микроскопии и с помощью молекулярных маркеров на консервативные участки генома ITS, *tefla* и *rpb2*.

Для исследований была выбрана экономически значимая культура огурца (*Cucumis sativus* L.), которая относится к одним из наиболее восприимчивых к фузариозу представителей семейства Cucurbitaceae L. От возможности развития здоровой корневой

системы на ювенильной стадии зависит приживаемость молодых растений. Поэтому нами было проведено исследование эффекта влияния грибов рода *Fusarium* на данный параметр.

Гидротермическую стерилизацию семян проводили при 40°C, с последующим перемещением в стерильные контейнеры на увлажненную фильтровальную бумагу. Для приготовления инокулюма изоляты грибов культивировали на агаризованной среде Чапека в течение 14 суток при температуре 24±1 °C. Для заражения готовили спорово-мицелиальную суспензию, и в качестве контроля использовали эквивалентный объем стерильной воды. Инкубировали при температуре 24±1 °C. Учитывали эффект действия грибов на развитие корневой системы относительно контрольного варианта [2].

Среди изученных изолятов грибов: 26% - ингибировали развитие корневой системы проростков огурца более чем в 2 раза, 53% - были среднеагрессивными, а 21% - не оказали значительного влияния на данной стадии развития *C. sativus* L.

По результатам молекулярной идентификации был определен состав патокомплекса грибов рода *Fusarium*, присутствующий на тыквенных культурах в Московской области. Более четверти всех представителей оказали сильное негативное влияние на стадии проростков *C. sativus* L.

Список литературы

1. Vetrova S., Alyokhina K., Engalycheva I., [et al]. Identification and Pathogenicity of *Fusarium* Species Associated with Onion Basal Rot in the Moscow Region of Russian Federation. Journal of Fungi. – 2024. – V.10(5): 331. – P. 38-50. – doi: 10.3390/jof10050331
2. Каменева А.В., Слетова М.Е. Влияние температурного фактора на проявление симптомов фузариоза на проростках кабачка. СПб: ФГБНУ ВИЗР: материалы V Международной научно-практической конференции «Современные проблемы иммунитета к вредным организмам», 2025.—С. 71.

АЛЛЕЛЬНАЯ СТРУКТУРА ГЕНА *DRO-5A* В КОЛЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Хуртова К.И.¹, Черноок А.Г.¹, Моргунов А.И.¹, Шаманин В.П.²,
Наджодов Б.Б.¹, Дивашук М.Г.¹

*1 - ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии" (ФГБНУ ВНИИСБ), ул.*

Тимирязевская, 42, Москва, Россия, 127550; E-mail: biotech@iab.ac.ru

2 - Омский государственный аграрный университет им. П.А.

*Столыпина (ОмГАУ им. П.А. Столыпина), Омск, Институтская площадь, 1,
Россия, 644008*

Пшеница занимает ведущее место среди зерновых культур в мировом производстве пищевой продукции. Одной из приоритетных задач современной селекции является повышение урожайности и адаптивности культуры к разнообразным неблагоприятным климатическим условиям. Засуха - понижение влажности окружающей среды по отношению к ее среднему состоянию, приводящее к значительному снижению урожайности, что создает риски для продовольственной безопасности. Наблюдаемая в ряде регионов тенденция к увеличению частоты и интенсивности засушливых явлений обуславливает необходимость создания сортов, устойчивых к данному стресс-фактору.

Гены семейства *DRO* (*DEEPER ROOTING*) влияют на архитектуру корневой системы, включая такие параметры, как глубина, длина и угол роста корней.

Глубокая корневая система позволяет растению эффективнее использовать влагу и питательные вещества из нижних слоев почвы, что критически важно для выживания в условиях дефицита воды ^[1]. Однако генетические механизмы, контролирующие этот признак, изучены недостаточно. В недавних работах гены семейства *DRO* были идентифицированы у риса, арабидопсиса и персика, а также были изучены ткани, в которых экспрессируется ген, и как влияет его сверхэкспрессия на растение ^[2].

Данная работа направлена на анализ аллельного разнообразия гена *DRO-5A* у 334 перспективных сортов и линий яровой мягкой пшеницы, которые были предоставлены коллекцией КАСИБ (Казахстанско-Сибирская сеть улучшения пшеницы) а также перспективными селекционными линиями конкурсного сортоиспытания (КСИ) из Омска, Тюмени, Челябинска и Кургана.

Для генотипирования растительного материала использовали метод конкурентной аллель-специфичной ПЦР (KASP) и маркер на ген *DRO-5A*, разработанный в «Курчатовском геномном центре-ВНИИСБ» на основе данных имеющихся в литературе. В качестве материала использовали ДНК, выделенную из зерен в трех повторностях. Генотипирование KASP проводилось в смеси объемом 10 мкл по рекомендуемым производителем условиям (LCG Biosearch Technologies).

Проведенный анализ выявил следующее распределение аллелей в изучаемой коллекции: аллель А (уменьшение глубины залегания корневой системы) был выявлен у 49% образцов (165 образцов), аллель С (увеличение глубины залегания корневой системы) был обнаружен у 27% образцов (90 образцов), гетерогенные формы составили 24% (79 образцов). Полученные данные демонстрируют преобладание в коллекции аллеля А, ассоциированного по литературным данным с формированием не глубоко залегающей корневой системы.

В результате исследования в представленной коллекции яровой мягкой пшеницы впервые идентифицированы образцы, несущие аллель С гена *DRO-5A*, ассоциированный с глубоко залегающей корневой системой. Полученные данные имеют практическую значимость для маркер-вспомогательной селекции (MAS), позволяя вести целенаправленный отбор при создании новых высокопродуктивных и засухоустойчивых сортов.

Исследование поддержано грантом РНФ № 25-64-00021 (<https://rscf.ru/project/25-64-00021/>).

Список литературы:

1. Maqbool S. et al. Root system architecture of historical spring wheat cultivars is associated with alleles and transcripts of major functional genes //BMC Plant Biology. – 2022. – Т. 22. – №. 1. – С. 590. doi: 10.1186/s12870-022-03937-7.
2. Guseman J. M. et al. DRO 1 influences root system architecture in Arabidopsis and Prunus species //The Plant Journal. – 2017. – Т. 89. – №. 6. – С. 1093-1105. doi: 10.1111/tpj.13470.
3. Zhang W. et al. Functional gene assessment of bread wheat: breeding implications in Ningxia Province //BMC Plant Biology. – 2021. – Т. 21. – №. 1. – С. 103. doi: 10.1186/s12870-021-02870-5.

ОЦЕНКА ПОРОГОВОЙ ДОЗЫ ОБЛУЧЕНИЯ БЫСТРЫМИ НЕЙТРОНАМИ ДЛЯ ИНДУКЦИИ АДАПТИВНОГО ОТВЕТА У ПРОРОСТКОВ ТРИТИКАЛЕ (*X TRITICOSECALE*)

Кругляк А.И.^{1,2}, Алексеёнок Ю.В.¹, Волкова П.Ю.³, Дорошкевич А.С.¹,
Соловьев А.А.^{2,4}

1 – Объединенный институт ядерных исследований (ОИЯИ), Дубна 141980

E-mail: Anastasiya.Kruglyak@nf.jinr.ru

*2 – ФГНБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550*

3 – Независимый исследователь, Бельгия

*4 – ФГБУ «Всероссийский центр карантина растений» (ФГБУ ВНИИКР),
Раменский 140150*

Повышение устойчивости сельскохозяйственных культур к негативным факторам окружающей среды является актуальной задачей в условиях изменяющегося климата. Одним из перспективных подходов является праймирование — предобработка растений или семян мягким стрессовым фактором, который активирует защитные системы и повышает устойчивость к последующим, более серьезным стрессам [1]. В качестве такого фактора эффективно используются малые дозы ионизирующего излучения. В отличие от хорошо изученного гамма-облучения, эффекты праймирования быстрыми нейтронами, обладающими высокой плотностью ионизации, исследованы недостаточно, особенно для такой культуры, как тритикале (*x Triticosecale*).

Целью данной работы был целенаправленный поиск пороговой (праймирующей) дозы облучения быстрыми нейтронами для семян зернофуражного сорта тритикале. Семена облучали на ускорителе ЭГ-5 (ОИЯИ, Дубна) в диапазоне доз от 5 до 25 Гр. Оценка влияния доз проводили на ранних стадиях онтогенеза по показателям длин корней и побегов проростков.

Результаты показали, что дозы облучения свыше 5 Гр вызывали статистически значимое угнетение ростовых процессов. В то же время, доза 5 Гр не оказывала достоверного негативного влияния на морфофизиологические параметры проростков по сравнению с контролем. Таким образом, доза 5 Гр была идентифицирована как пороговая и отобрана в качестве кандидата для дальнейшего изучения ее праймирующего потенциала.

Полученные данные согласуются с исследованиями на других культурах, где низкие дозы радиации, не угнетая рост, повышали толерантность к стрессам, например, солеустойчивость у голубиноного гороха (*Cajanus cajan*) [2]. Механизм этого явления может быть связан с индукцией сложного молекулярного ответа, включающего эпигенетическую перестройку, активацию антиоксидантной системы и синтез стресс-защитных белков, что формирует «стрессовую память» растения [3].

В текущих исследованиях проверяется гипотеза о том, что воздействие выбранной дозой способно вызвать кросс-толерантность к различным абиотическим стрессам. Запланированный анализ молекулярных маркеров, таких как профиль метилирования ДНК и экспрессия генов стресс-ответа, позволит раскрыть механизмы, лежащие в основе этого явления, и открыть новые пути для создания устойчивых сортов.

Список литературы:

1. Thomas T.T., Dhanya, Puthur, J.T. UV radiation priming: A means of amplifying the inherent potential for abiotic stress tolerance in crop plants. *Environmental and Experimental Botany*. 2017.138. 57–66.
2. Kumar, P. et al. Regulated partitioning of fixed carbon (^{14}C), sodium (Na^+), potassium (K^+) and glycine betaine determined salinity stress tolerance of gamma irradiated pigeonpea [*Cajanus cajan* (L.) Millsp.]. *Environmental Science and Pollution Research*. 2017. 24. 7285–7297.
3. Aswathi, K. P. R., Ul-Allah, S., Puthur, J. T., Siddique, K. H. M., Frei, M., Farooq, M. The Plant Mind: Unraveling Abiotic Stress Priming, Memory, and Adaptation. *Physiologia plantarum*, 2025. 177(4).

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПЕРСПЕКТИВНЫХ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ ФАСОЛИ ОВОЩНОЙ (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) К ВИРУСУ ОБЫКНОВЕННОЙ МОЗАИКИ (*BEAN COMMON MOSAIC VIRUS*, BCMV)

**Крупинская Е.С., Домблидес А.С., Енгальчева И.А., Антошкин А.А.
ФГБНУ Федеральный научный центр овощеводства (ФГБНУ ФНЦО), Московская обл., Одинцовский р-н,
пос. ВНИИССОК 143080; E-mail: priemnaya@vniissok.ru**

В последние десятилетия отмечают нарастание вредоносности вирусных фитопатогенов на разных овощных культурах, что связывают с изменением климата, а также со снижением продуктивности и качества возделываемых культур [1]. В России в настоящий момент заметно расширяется промышленное выращивание фасоли обыкновенной (*Phaseolus vulgaris* L.) — важной зернобобовой культуры, отличающейся высоким содержанием белка. Одним из основных возбудителей заболеваний фасоли в Нечерноземной зоне России является вирус обыкновенной мозаики фасоли (*Bean common mosaic virus*, BCMV) [2]. Процент заражения растений на полях крайне высок, а потери урожая могут составлять до 98%. Также вирусы способны сохраняться в семенах до 5-6-лет [3]. В связи с этим одним из важнейших условий для проведения дальнейшей селекционной программы по фасоли овощной является поиск генетических источников устойчивости к BCMV.

Известно, что устойчивость к вирусу BCMV контролируют 7 генов — штамм-неспецифический доминантный ген *I* и шесть штамм-специфических рецессивных генов (*bc-1*, *bc-1²*, *bc-2*, *bc-2²*, *bc-3*, *bc-u*) [4]. Сочетание доминантных и рецессивных генов даёт различный иммунный ответ при воздействии вирусов. Так, зарубежные ученые зачастую используют сочетание генотипов *I/bc-1/bc-3*, что обеспечивает более широкий спектр неспецифической устойчивости. Разработка ДНК-маркеров значительно упрощает отбор селекционных генотипов с различными вариантами генов устойчивости [2].

Целью наших исследований являлось выявление основных генов устойчивости у перспективных селекционных образцов фасоли овощной (*Phaseolus vulgaris* L.) с использованием генетического анализа к BCMV. Материалом служили 4 перспективные линии лаборатории селекции и семеноводства бобовых культур (ИМ-Л-Х-14, ИМ-Л-М-20, ИМ-Л-П-31, ИМ-Л-И-32), полученные в 2019-2025 годах. Для анализа на присутствие в генотипах доминантного гена *I* и рецессивных *bc-1²* и *bc-3*. было отобрано 20 индивидуальных растений (по 5 растений каждой линии).

По результатам ПЦР-анализа линии содержали различные гены устойчивости к вирусу обыкновенной мозаики фасоли. Амплификация образцов с маркером SW13, ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

связанным с доминантным геном *I*, дала положительные результаты с линиями ИМ-Л-М-20 и ИМ-Л-И-32. Секвенирование по методу Сэнгера позволило установить принадлежность исследуемых последовательностей с высоким сходством к маркеру SW13 гена *I*. Сходство образцов с референсной последовательностью из базы данных (AY508120.1) составило 98-99%. Маркеры на рецессивные гены устойчивости (SBD5 – ген *bc-1²*, SG6 и ROC11– *bc-3*) показали наличие данных генов у всех исследуемых образцов.

Также впервые были начаты исследования гена *bc-u* – малоизученного на настоящий момент рецессивного гена устойчивости. Недавно американскими учеными было показано, что у данного гена существует два аллеля – *bc-u^r* и *bc-u^d* [5]. Эти же ученые разработали набор маркеров для real-time ПЦР для обнаружения гена *bc-u* – маркер Pvbzip1_A_C (*bc-u^d*) и маркер Pvmit-1_T_G (*bc-u^r*). Нами было обнаружено, что аллель *bc-u^r* присутствовала у всех исследуемых образцов фасоли овощной. Однако по *bc-u^d* наблюдалось разнообразие: в каждой линии были генотипы, содержавшие данную аллель, и генотипы, соответственно, с ее отсутствием. Также анализ кривой плавления показал, что среди разных генотипов могут наблюдаться разные варианты *bc-u^d*.

Помимо генетического анализа, была проведена иммунологическая оценка линий фасоли по устойчивости к изоляту BCMV. У всех изученных линий фасоли при искусственном заражении в лабораторных условиях после инокуляции на всем протяжении анализируемого периода симптомы поражения или не проявлялись вовсе, или наблюдали небольшое увядание или некроз, но в целом опытные растения не отличались от контрольных групп. При оценке в условиях провокационного инфекционного фона картина была другая: у линий ИМ-Л-М-20 и ИМ-Л-И-32 с генотипами *I/bc-1²/bc-3* в фазе цветения симптомы темно-зеленой мозаики проявлялись, далее образовывались некрозы и дальнейшее распространение не отмечалось. В среднем индекс поражения был невысоким.

Таким образом, было показано, что исследуемые линии фасоли овощной содержат различные гены устойчивости к BCMV: штамм-специфические гены *bc-1²*, *bc-3* и присутствуют у всех растений четырех линий, две линии также содержали доминантный ген *I*. Ген *bc-u^r* был обнаружен у всех исследуемых генотипов, однако по гену *bc-u^d* наблюдалась гетерогенность. Иммунологическая оценка указала на разный характер устойчивости в зависимости от присутствия в генотипе гена *I*.

В дальнейшем линии будут проанализированы на наличие других рецессивных генов. Планируется проведение фенотипическая оценка растений в полевых условиях для отбора перспективных образцов, а также определение штаммового разнообразия вирусов.

Список литературы

1. Енгальчева И.А., Козарь Е.Г. Основные направления исследований вирусных болезней овощных культур в ФГБНУ ФНЦО (мониторинг, иммунитет, источники устойчивости). Аграрная наука. 2019. 1:3.
2. Енгальчева И.А., Козарь Е.Г., Домблидес А.С., Антошкин А.А., Пивоваров В.Ф., Ушаков А.А., Ушаков В.А. Особенности развития вируса обыкновенной мозаики фасоли (Potyvirus, Potyviridae) в условиях Московского региона и исходный материал для селекции на устойчивость. Сельскохозяйственная биология. 2020. 5:55.
3. Feng X., Myers J.R., Karasev A.V. Bean common mosaic virus isolate exhibits a novel pathogenicity profile in common bean, overcoming the *bc-3* resistance allele coding for the mutated eIF4E translation initiation factor. Phytopathology. 2015. 11:105.
4. Soler-Garzón A., McClean P.E., Miklas P.N. Genome-Wide association mapping of *bc-1* and *bc-u* reveals candidate genes and new adjustments to the host-pathogen interaction for resistance to Bean Common Mosaic Necrosis Virus in common bean. Front Plant Sci. 2021. 1:17.
5. Soler-Garzón A., McClean P.E., Miklas P.N. The alleles *bc-u^d* and *bc-u^r* (previously *bc-4* gene), representing coding mutations within Vps4 AAA+ ATPase ESCRT protein, interact with other genes to condition resistance to BCMV and BCMNV in common bean. Plant Genome. 2024. 1:17.

USING CRISPR/CAS9 TO INCREASE THE SHELF LIFE OF TOMATO FRUIT

Murodov A.A., Ayubov.M.S., Mamajonov B.O.,

Yusupov A.N., Obidov N.SH., Bashirxonov Z.H., Buriyev Z.T.

Center of Genomics and Bioinformatics, Uzbekistan Academy of Sciences (CGBASRU),

Tashkent 111215, Uzbekistan; E-mail: murodov95anvar@gmail.com

Tomato (*Solanum lycopersicum*) is an economically and biotechnologically important crop. In 2023, tomatoes were planted on 5.2 million hectares, yielding 186.6 million tons [1]. The fruit is a source of nutrients such as lycopene, K, Fe, folic acid, and vitamin C, which have a positive effect on human health [2]. This plant also serves as a model plant for scientists to study the processes that occur during fruit ripening. The complete sequencing and study of the genomes of several wild and domestic tomato varieties, as well as the well-established transformation process in tissue culture, allow for effective research on this plant [3].

One of the main difficulties in growing tomatoes is that the ripe fruit softens too much in a short time. As a result, the fruit becomes easily susceptible to external mechanical influences, the external integrity of the fruit is quickly damaged, and as a result, the quality deteriorates due to bacterial and fungal diseases, making it unfit for consumption [4].

Currently, tomato fruit is being produced using various physical, chemical, and genetic engineering methods. Genetic engineering is mainly aimed at maintaining the firmness of fruit skin for a long time by reducing the activity of enzymes responsible for fruit softening. So far, several such enzymes have been reduced in activity using RNA interference, TALEN, and Zinc Finger methods, with positive results. The CRISPR/Cas9 method is a modern genome editing method that is convenient, cheap, and accurate, and is also used to modify plant genomes. To date, the CRISPR/Cas9 method has been effectively used to increase the resistance of tomato plants to abiotic and biotic factors, improve their yield, and increase the nutritional value of the fruit [5].

The Beta-hexosaminidase 1 (B-hex) gene is responsible for the biosynthesis of the enzyme Beta-hexosaminidase, which breaks down glycoproteins in tomato fruit skin [6]. This enzyme is activated during tomato fruit ripening. Our goal is to target the gene responsible for the biosynthesis of this enzyme using CRISPR/Cas9 technology to inhibit its biosynthesis, thereby increasing the shelf life of the fruit.

To achieve this goal, a gRNA was designed for the B-hex gene and a vector construct was created based on this gRNA. This vector construct was successfully transformed into tomato plants using *Agrobacterium tumefaciens*. The resulting transgenic plants were confirmed to contain the vector construct using primers designed for Cas9. To check whether the B-hex gene in plants has been mutated, gene-specific primers were used to sequence the gene. When analyzing the sequence results obtained, it was observed that 2 types of indels were found in the plants: a deletion (3 bp) and an insertion (1 bp).

No differences were observed in plant morphology, flowering period, and fruit structure in the T0 generation plants compared to controls. Changes in the expression of the Beta-hexosaminidase enzyme in the fruits are currently being determined.

References.

1. <https://www.fao.org/faostat>
2. Bhowmik D., Kumar K.S., Paswan S., Srivastava S. Tomato-A Natural Medicine and Its Health Benefits. J. Pharmacogn. Phytochem. 2012;1:33–43.
3. Tripodi P. Next generation sequencing technologies to explore the diversity of germplasm resources: Achievements and trends in tomato. Comput Struct Biotechnol

- J. 2022 Nov 13;20:6250-6258. doi: 10.1016/j.csbj.2022.11.028. PMID: 36420160; PMCID: PMC9676195.
4. D. M. Gatahi, "Challenges and Opportunities in Tomato Production Chain and Sustainable Standards," International Journal of Horticultural Science and Technology, 7 3 (2020): 235-262, doi: 10.22059/ijhst.2020.300818.361.
 5. Tiwari JK, Singh AK, Behera TK. CRISPR/Cas genome editing in tomato improvement: Advances and applications. Front Plant Sci. 2023 Feb 23;14:1121209. doi: 10.3389/fpls.2023.1121209.
 6. Irfan M, Kumar P, Kumar V, Datta A. Fruit ripening specific expression of β -D-N-acetylhexosaminidase (β -Hex) gene in tomato is transcriptionally regulated by ethylene response factor SIERF.E4. Plant Sci. 2022 Oct;323:111380. doi: 10.1016/j.plantsci.2022.111380. Epub 2022 Jul 14. PMID: 35842058.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ТРАНСЛОКАЦИЙ 1RS.1BL/1RS.1AL У ОБРАЗЦОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ИХ УСТОЙЧИВОСТЬ К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССАМ

Наджодов Б.Б.^{1,2}, Мохов Т.Д.¹, Черноок А.Г.¹, Баженова С.С.², Рубец В.С.¹, Дивашук М.Г.¹

*1- ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва, 127550*

*2- ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет - Московская
сельскохозяйственная академия имени К. А. Тимирязева» (РГАУ-МСХА имени К. А.
Тимирязева), Москва, 127550
E-mail: boburnajodov@gmail.com*

Пшенично-ржаные транслокации — одни из наиболее широко используемых интрогрессий в селекции пшеницы. Короткое плечо ржаной хромосомы 1R несёт кластер генов устойчивости к основным грибным болезням, обеспечивающий комплексную устойчивость к бурой ржавчине (*Lr25*, *26*, *45*), жёлтой ржавчине (*Yr9*, *83*), стеблевой ржавчине (*Sr27*, *31*, *50*, *59*) и мучнистой росе (*Pm8*, *17*), а также ряд генов адаптивности, интродуцированный из *Secale cereale* (ржи) [1–2]. Однако из-за негативного влияния на качество зерна (глиадин и глютеинин кодирующих локусов), связанного с локусом *Sec-1* на 1RS, в практике чаще применяется транслокация 1RS.1AL. Исследования влияния транслокации 1RS.1AL на качество зерна показали, что её наличие приводит к менее выраженному снижению показателей по сравнению с 1RS.1BL [3].

Целью работы была идентификация пшенично-ржаных транслокаций 1RS.1BL и 1RS.1AL и оценка их эффективности в обеспечении устойчивости к основным грибным болезням яровой мягкой пшеницы.

Полевые опыты проводили в течение трёх лет. Посев выполняли кассетной селекционной сеялкой СКС-6-10; площадь делянки — 1 м², повторность — трёхкратная, размещение — систематическое. Материалом для исследования послужили 50 сортов и линий яровой мягкой пшеницы. Оценку устойчивости к грибным болезням по всем патогенам проводили в фазу колошения, а затем во время цветения, согласно методическим указаниям по изучению мировой коллекции пшеницы ВИР. Использовали 9-балльную шкалу: 1-3 балл (очень низкая устойчивость и сильное поражение; 5 баллов (средняя

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

устойчивость) — среднее поражение 7 баллов (высокая устойчивость — слабое поражение; 9 баллов (очень высокая устойчивость) — отсутствие симптомов. Образцы с оценкой 7–9 баллов считали высокоустойчивыми (R), 5 баллов — средняя устойчивость (MR), 1–3 балла восприимчивыми (S).

ДНК выделяли из листьев по стандартному СТАВ протоколу, наличие транслокаций 1RS.1BL и 1RS.1AL выявляли ПЦР с использованием специфичных праймеров SCM9 [3]. Для проведения молекулярного анализа в качестве контролей использовались сорта мягкой пшеницы с ранее известными транслокациями: Кавказ (наличие 1RS.1BL транслокации), Победа 75 (наличие 1RS.1AL транслокации), Chinese Spring (отсутствие транслокаций 1RS.1BL/1RS.1AL).

В результате проведённого нами ПЦР-анализа транслокация 1RS.1BL была обнаружена у пяти образцов яровой мягкой пшеницы, тогда как транслокация 1RS.1AL выявлена лишь у одного сорта. У трёх образцов установлена биотипность по наличию транслокации 1RS.1BL.

В ходе полевых испытаний была проведена оценка устойчивости образцов яровой мягкой пшеницы к основным грибным заболеваниям — бурой ржавчине (*Puccinia tritricina*), стеблевой ржавчине (*Puccinia graminis*) и мучнистой росе (*Blumeria graminis*). Анализ устойчивости проводился в течение трёх лет (2022–2024 гг.), за исключением стеблевой ржавчины, сильный эпифитотийный фон которой был зафиксирован только в 2024 году. Средние баллы устойчивости к бурой ржавчине за три года показали, что сорта и линии, обладающие транслокацией 1RS.1BL, продемонстрировали высокую устойчивость (в среднем 8,0 баллов, R), значительно превышающую показатели образцов без транслокации (5,0 баллов, MR). У биотипных образцов, гетерогенных по транслокации 1RS.1BL, уровень устойчивости был тоже высокий (в среднем 7,0 балла), что подтверждает эффективность транслокации также. Сорт с транслокацией 1RS.1AL показал устойчивость к бурой ржавчине на уровне 7,5 балла, что свидетельствует о защите при высоком инфекционном фоне в годы эпифитотий. Оценка устойчивости к стеблевой ржавчине в условиях 2024 года выявила высокую эффективность транслокации 1RS.1BL. У всех пяти образцов с наличием транслокации устойчивость была на уровне 8–9 баллов (R), в то время как большинство образцов без транслокации варьировали в пределах 3–5 баллов. По мучнистой росе средние баллы за три года также подтверждают преимущество образцов с транслокацией 1RS.1BL (7,0 баллов, R) по сравнению с образцами без транслокации (5,0 баллов, MR). Биотипные линии снова показали промежуточную устойчивость (на уровне 5–7 баллов), что подчёркивает селекционную ценность внутрисортной пластичности.

Таким образом, данное исследование свидетельствует об эффективности пшенично-ржаных транслокаций 1RS.1BL и 1RS.1AL в обеспечении устойчивости к основным к грибным болезням. Биотипность сортов по наличию и отсутствию пшенично-ржаной транслокации 1RS.1BL может рассматриваться как фактор для адаптивности. Внутрисортной генетический полиморфизм, когда в составе одного сорта сосуществуют биотипы с 1RS и без неё, повышает экологическую пластичность популяции и способствует стабилизации урожая в годы с контрастными условиями увлажнения и температурного режима, в том числе при почвенной и воздушной засухе. Эта стратегия поддерживает агрономические преимущества 1RS такие как устойчивость к болезням и повышение стрессоустойчивости. Наличие биотипности может быть полезным в условиях изменяющихся фитопатогенных нагрузок, обеспечивая адаптивность к абиотическим и биотическим факторам в разные годы.

Финансирование: Исследование выполнено за счёт средств Государственного задания FGUM-2025-0001

Список литературы:

1. Korobkova V.A., Beshpalova L.A., Yanovsky A.S. et al. Permanent Spreading of 1RS.1AL and 1RS.1BL Translocations in Modern Wheat Breeding. *Plants*, 2023, 12, 1205. <https://doi.org/10.3390/plants12061205>
2. Фисенко А. В., Ляпунова О. А., Зуев Е. В. и др. Динамика распространения ржаных транслокаций в генотипах российских сортов мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. *Генетика*. 2023. Т. 59. № 6. С. 648–658.
3. Li Z., Sun Z., Zhao L., Yan T., Ren Z., Ren T. Molecular cytogenetic characterization of novel wheat-rye T1RS.1AL translocation lines with resistance to powdery mildew and stripe rust derived from the Chinese rye landrace Qinling. *Phytopathology*. 2024. Vol. 114, No. 8. P. 1884–1892.
4. Saal B., & Wricke G. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*, 1999, 42(5), 964–972.

АПРОБИРОВАНИЕ ПРОТОКОЛА АГРОБАКТЕРИАЛЬНОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ ТОМАТОВ

Аверьянова Э.В., Нежданова А.В.

Федеральное государственное учреждение «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук» (ФИЦ Биотехнологии РАН), Москва, 119071

В настоящее время различные биотехнологические методы активно применяются в селекции растений. Интеграция научных знаний позволяет ускорять процесс селекции и повышать эффективность отбора генотипов — доноров хозяйственно-ценных признаков. Благодаря этим исследованиям ежегодно выращиваются миллионы гектаров разнообразных сортов и гибридов.

Биотехнология растений включает два ключевых направления: методы культивирования клеток и тканей (культуры *in vitro*, которые используются на отдельных этапах селекции) и методы генной инженерии (мутагенез и получение трансгенных растений). Основным методом получения трансгенных растений — агробактериальная трансформация, основанная на заражении пораненных клеток растения штаммом *Agrobacterium tumefaciens* (или *A. rhizogenes*). В результате тДНК из Ti- или Ri-плазмиды встраивается в ядерный геном растения. Для переноса нужного гена в геном растения кассету экспрессии целевого гена клонируют в область тДНК вместе с кассетой экспрессии селективного гена, что позволяет отбирать трансгенные регенеранты.

В последние годы набирает популярность направленное редактирование генома растений с помощью технологии CRISPR/Cas. Этот метод уже показал успешные результаты в создании сортов с повышенной урожайностью и устойчивостью к биотическим и абиотическим стрессорам (Li et al., 2022). В частности, система CRISPR/Cas9 успешно применяется на культурах семейства Паслёновые (*Solanaceae*) (Das Dangol et al., 2019; Chandrasekaran et al., 2021). Семейство *Solanaceae* объединяет более 3000 видов, многие из которых прошли доместикацию и селекцию. Среди них пищевые культуры, такие как картофель, томат, баклажан, перец и физалис; декоративные растения, включая петунию и дурман; а также фармацевтические культуры, такие как табак, белладонна (*Atropa*), белен (*Hyoscyamus*) и мандрагора (*Mandragora*).

Томат используется в качестве модельной культуры в исследованиях развития и хранения плодов и ответа на различные стрессовые факторы. Результатом экспериментов по редактированию генома томата стала функциональная характеристика генов

стрессоустойчивости: к засухе (*SlARF4*, *SlMAPK3*, *SlLOX*, *SlGST*, *SlDREB*, *SlMAPK6*, *SlNPR1* и *SlLBD40*), избытку соли (*SlLBD40*, *SlSOS1-1*, *SlSOS1-2*, *SlHYPRP1*, *HYPRP1*), холоду (*SlCBF1*), повышенной температуре (*BZR1*) и облучению УФ-В (*SlUVR8*) (Chandrasekaran et al., 2021). Определены гены устойчивости томата к биотическим стрессорам: при инфекции *Pseudomonas* spp. (*SlJAZ2*, *SlDMR6-1*), *Phytophthora* (*SlDMR6-1*), *Fusarium oxysporum* (*Solyc08g075770*), *Botrytis cinerea* (*MAPK3*, *SlMYC2*) и *Oidium* spp. (*SlMlo1-SlMlo16*, *S-gene PMR4*, *SlPelo*) (Chandrasekaran et al., 2021). Показано, что CRISPR-нокаут *MADS-box* гена *RIN* приводит к увеличению срока хранения плодов (Ito et al., 2017; Li et al., 2020), а *MADS-box* гена *SlAGL6* – к индукции партенокарпии с сохранением жизнеспособности пыльцы (Klap et al., 2017).

Тем не менее, томат по-прежнему считается более сложным для трансформации, чем такие виды, как *Petunia hybrida* и *Nicotiana tabacum*, и может демонстрировать значительно варьирующуюся успешность трансформации, что может быть связано с особенностями сорта, штамма *Agrobacterium*, выбора селективного антибиотика.

Таким образом, целью исследования была оптимизация протокола агробактериальной трансформации томата *Solanum lycopersicum*.

В качестве объектов исследования были взяты 5 сортов томата: Аделина, Отрадный, Лель, Титан розовый, Черри красный. Все сорта значительно отличались друг от друга по фенотипическим признакам и агротехническим показателям. Черри красный – индетерминантный, раннеспелый. Плоды красные, мелкие. Восприимчив к вирусу табачной мозаики и фузариозу, сильно восприимчив к кладоспориозу. Титан розовый – детерминантный, среднеспелый. Плоды розовые, крупные. Лель – детерминантный, низкорослый, среднеранний. Плоды красные, средние, вытянутые. Жаростойкий, холодостойкий, устойчив к вирусу табачной мозаики. Отрадный – детерминантный, раннеспелый. Плод округлый, гладкий, красный. Аделина – детерминантный, среднеспелый. Окраска незрелого плода светло-зеленая, зрелого – красная. Устойчив к фузариозу. Жаростойкий, засухоустойчивый.

Томаты трансформировали следующим образом. Подготавливали 5 мл жидкой культуры *A. tumefaciens*, выращенной в течение ночи при 28 °С и встряхивании со скоростью 200 об/мин, центрифугировали при 5000 об/мин в течение 10 минут, осадок ресуспендировали в 0,5 мл жидкой среды А2 (OD600 1,9–2,0). Стеблевые междоузлия (отрезки длиной около 1 см) брали из 3-недельных стерильных растений, помещали в жидкую среду А2 (50 мл) с суспензией бактерии и оставляли на со-культивацию при комнатной температуре. Через 20 минут инфицированные междоузлия слегка подсушивали на свежей стерильной фильтровальной бумаге и помещали на среду для индукции каллуса и последующей регенерации (С1М: А2 с добавлением 1 мг/л 6-бензиламинопурина, 1 мг/л зеатина и 0,02 мг/л 1-нафтилуксусной кислоты) с добавлением 250 г/л карбенициллина (репрессор роста *Agrobacterium*). Экспланты пересевали каждые 7–10 дней, используя свежую среду С1М для поддержания селекционного давления и культивировали в вегетационной камере при цикле 16 часов света/8 часов темноты при температуре 21°С.

Использование данного протокола трансформации показало высокий уровень регенерации и трансформации для всех 5 сортов томата. Таким образом, полученные нами данные перспективны для использования в биотехнологии и селекции агрокультур с целью улучшения качества урожая.

Список литературы:

1. Chandrasekaran M., Boopathi T., Paramasivan M. A status-quo review on CRISPR-Cas9 gene editing applications in tomato // International Journal of Biological Macromolecules. – 2021. – Т. 190. – С. 120-129.

2. Das Dangol S., Barakate A., Stephens J., et al. Genome editing of potato using CRISPR technologies: current development and future prospective // Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC). – 2019. – Т. 139. – С. 403-416.
3. Ito Y. et al. Re-evaluation of the rin mutation and the role of RIN in the induction of tomato ripening // Nature plants. – 2017. – Т. 3. – №. 11. – С. 866-874.
4. Klap C., Yeshayahou E., Bolger A. M., et al. Tomato facultative parthenocarp results from Sl AGAMOUS-LIKE 6 loss of function // Plant Biotechnology Journal. – 2017. – Т. 15. – №. 5. – С. 634-647.
5. Li S., Zhu B., Pirrello J., et al. Roles of RIN and ethylene in tomato fruit ripening and ripening-associated traits // New Phytologist. – 2020. – Т. 226. – №. 2. – С. 460-475.
6. Li X., Xu S., Fuhrmann-Aoyagi M. B., et al. CRISPR/Cas9 technique for temperature, drought, and salinity stress responses // Current Issues in Molecular Biology. – 2022. – Т. 44. – №. 6. – С. 2664-2682.

MULTI-OMICS ANALYSIS REVEALS THE ACTION OF *MTCLE35* GENE – NITRATE-REGULATED INHIBITOR OF SYMBIOSIS

Petrenko V. A., Rubtsova D. N., Berdigan R. D., Lebedeva M. L., Lutova L. A.

*Saint Petersburg State University (SPbU), Saint Petersburg 199034, Russia,
e-mail: st106188@student.spbu.ru*

Legume plants have evolved a unique adaptation to nitrogen deficiency: symbiosis with nitrogen-fixing *Rhizobium* bacteria. This mutually beneficial relationship involves the bacteria converting atmospheric nitrogen into absorbable ammonia. In return, the host plant provides carbohydrates and a protected niche within specialized root organs called nodules. As both nodule development and nitrogen fixation are energy-intensive processes, legumes strictly control the number of nodules they form. A key mechanism that prevents excessive nodulation is the Autoregulation of Nodulation (AON) system, a subject of active ongoing research[1].

In the AON pathway, regulatory peptides of the CLE family function as essential mobile signals. These peptides are synthesized in the roots upon rhizobial infection and transported to the shoot via the xylem. Their gene expression is induced early in nodule development, and their overexpression potently suppresses nodule formation.

According to the scientific data, 52 genes encoding CLE peptides have been identified in the genome of the model legume *Medicago truncatula*. Of these, only two – *MtCLE12* and *MtCLE13* – have been shown to have their expression activated in response to rhizobial inoculation. The implementation of the autoregulation of nodulation (AON) signaling pathway depends on the interaction of these peptides with the SUNN receptor kinase, which is localized in the plant shoot[2].

Our laboratory has identified a novel peptide, *MtCLE35*, which acts as a negative regulator of symbiotic nodule development. *MtCLE35* overexpression was found to suppress nodulation. Its expression is induced by both rhizobial inoculation and nitrate treatment. To determine the mechanism of suppression, a comparative transcriptomic analysis was performed[3]. We compared transgenic roots overexpressing *MtCLE35* to GUS-overexpressing control roots at 11 days post-inoculation with rhizobia. The analysis demonstrated that *MtCLE35* overexpression results in the complete inhibition of nodule formation and the significant downregulation of 1,122 genes involved in symbiosis.

Interestingly, transcriptomic analysis revealed that the overexpression of *MtCLE35* also

led to the upregulation of other genes. Gene Ontology (GO) enrichment analysis indicated that these differentially expressed genes (DEGs) were significantly associated with terms such as "oxidoreductase activity," "peroxidase activity," "antioxidant activity," "heme binding," and "tetrapyrrole binding."

A comparison of DEGs upregulated in control (p35S::GUS) and *CLE35*-overexpressing roots identified eight genes, including chitinases and chalcone O-methyltransferase 1 (*ChOMT1*), involved in flavonoid biosynthesis. qPCR analysis confirmed that expression of the *Chit 2G* and *Chit 8G* chitinase genes was significantly elevated in *MtCLE35*-overexpressing plants compared to the R-108 control, indicating their regulation by the *MtCLE35* peptide. Chitinases are hydrolases that cleave chitin—a key component of fungal cell walls and arthropod cuticles—into N-acetylglucosamine oligosaccharides, serving as a well-established defense mechanism against pathogens and insects. Notably, rhizobial Nod factors, being lipochitooligosaccharides, are also potential substrates for these enzymes.

Furthermore, *MtCLE35* affected flavonoid biosynthesis genes, which are crucial for nodulation. The *ChOMT1* gene, induced by rhizobia in both control and *MtCLE35*-overexpressing roots, showed significantly higher expression in the latter upon qPCR. This suggests that *ChOMT1* upregulation may be part of a *CLE35*-mediated defense response.

According to MACE-Seq and subsequent qPCR analysis of transgenic p35S:*MtCLE35* roots inoculated with rhizobia, genes associated with reactive oxygen species production and the antioxidant system were induced in the inoculated roots overexpressing *MtCLE35*. These included thioredoxin H2 (*TRX*), *peroxidase 100*, and a gene encoding ascorbate oxidase (*ACO*). Multiple genes encoding cysteine-rich peptides, which are too activated in rhizobia-inoculated roots overexpressing *MtCLE35*, may be involved in redox homeostasis alongside thioredoxins and peroxidases. This is due to the susceptibility of the mercapto (-SH) groups of Cys residues to oxidation. Moreover, since groups of Cys-rich peptides have been reported to possess antimicrobial activity and induce plant defense responses, it could be predicted that these cysteine-rich peptide-encoding genes are part of defense mechanisms[4].

Under controlled phytotron conditions, the *MtCLE35*-oe line exhibited reddening of shoots and leaf petioles, likely due to anthocyanin accumulation. Biochemical analysis confirmed a statistically significant increase in the total content of flavonoids and anthocyanins in both roots and shoots of the *MtCLE35*-oe line compared to the R108 control line. Metabolomic profiling further revealed that *MtCLE35*-oe plants had increased amount of phenolic compounds, glycosides, and free saturated fatty acids. Conversely, the content of nitrogen-containing compounds was significantly lower in the shoots and roots of the *MtCLE35*-oe line.

Therefore, our multi-omics analysis reveals that the inhibition of nodule development caused by *MtCLE35* overexpression is linked to the activation of defense processes.

References:

1. Caetano-Anollés G., Gresshoff P.M. PLANT GENETIC CONTROL OF NODULATION // Annu. Rev. Microbiol. 1991. T. 45, № 1. C. 345–382.
2. Mortier V. и др. CLE Peptides Control *Medicago truncatula* Nodulation Locally and Systemically // Plant Physiology. 2010. T. 153, № 1. C. 222–237.
3. Lebedeva M.A., Dobychkina D.A., Lutova L.A. CRISPR/Cas9-Mediated Knock-Out of the *MtCLE35* Gene Highlights Its Key Role in the Control of Symbiotic Nodule Numbers under High-Nitrate Conditions // IJMS. 2023. T. 24, № 23. C. 16816.
4. Lebedeva M.A. и др. *MtCLE35* Mediates Inhibition of Rhizobia-Induced Signaling Pathway and Upregulation of Defense-Related Genes in Rhizobia-Inoculated *Medicago truncatula* Roots // J Plant Growth Regul. 2024. T. 43, № 12. C. 4941–4956.

ПОДАВЛЕНИЕ ХИТИНСИНТАЗ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ РОДА *FUSARIUM* С ПОМОЩЬЮ дцРНК

Рекина А. Е.¹, Шингалиев А. С.¹

1 - ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ВНИИСБ), Москва, 127500. E-mail: iab@iab.ac.ru

Фитопатогенные грибы представляют собой одну из наиболее серьезных угроз для глобального сельского хозяйства. Согласно исследованиям, ежегодные потери урожая основных сельскохозяйственных культур из-за болезней растений достигают 30%, до 65% этих потерь связаны с грибковыми инфекциями [1, 2]. Среди наиболее опасных возбудителей выделяются грибы рода *Fusarium*, вызывающие фузариозное увядание, корневые и плодовые гнили, а также приводящие к накоплению в продуктах питания опасных для здоровья людей и животных микотоксинов [3]. Особая угроза данного патогена связана с его способностью поражать широкий спектр растений-хозяев.

В последнее время особое внимание уделяется разработке методов защиты растений на основе РНК-интерференции. Этот подход основан на использовании молекул двуцепочечных РНК (дцРНК) для целенаправленного подавления экспрессии генов патогенов. В отличие от традиционных фунгицидов, дцРНК не вызывают развития резистентности у целевых организмов и демонстрируют высокий профиль безопасности для растений и человека [4]. Важным механизмом защитного действия дцРНК является подавление способности грибов к проникновению в растительные ткани через устьица, что ограничивает распространение патогена в растении-хозяине. На мировом рынке уже представлены коммерческие препараты на основе дцРНК, такие как Calantha для защиты растений от колорадского жука [5].

Поиск и выбор таргетных генов стали ключевыми задачами на этапе создания препаратов дцРНК. Так, для применения РНК-интерференции требуются гены-мишени, снижение экспрессии которых будет достоверно снижать вирулентность и агрессивную патогенность *Fusarium*. Воздействие на элементы клеточной стенки, столь важной в развитии и распространении патогенов, является одним из перспективных направлений развития. Таким образом, кандидатами-мишенями для создания дцРНК могут быть гены хитинсинтаз, участвующих в синтезе хитина.

В данном исследовании выбраны гены хитинсинтаз — *CHS3b*, *CHSD* и *CHS5-MT*, кодирующие белки, которые обеспечивают ключевые аспекты вирулентности фитопатогенных грибов, морфогенез, динамическое ремоделирование клеточной стенки, направленный синтез хитина и защиту от антимикробных соединений растения-хозяина [6, 7].

Предметом исследования выступил штамм *Fusarium verticillioides* из коллекции фитопатогенных грибов рода *Fusarium*, ассоциированных с пятнистостью листьев, которая была сформирована на основе изолятов, собранных в южных регионах России [8]. Растительным объектом исследования служил перец овощной *Capsicum annuum* L.. Коллекция патогенных штаммов и семена перца были предоставлены «ФГБНУ ФНЦО» (Россия, ВНИИССОК).

Процесс заражения листьев перца проходил в 2 этапа: обработка растений дцРНК и перенесение конидий и мицелия патогена на абаксиальные стороны листа. Абаксиальные стороны листьев живого растения были опрысканы раствором дцРНК (контроль, *CHS3b*, *CHSD* и *CHS5-MT*) в количестве 2 мкг на 1 лист. Через 16 часов абаксиальная сторона листа была подвержена заражению *F. verticillioides* путем опрыскивания суспензией конид

концентрации 10^5 конидий/мл. На протяжении эксперимента растения находились в условиях повышенной влажности (90-95%) для создания лучших условий развития патогена. Через 48 часов после заражения был проведен микроскопический анализ листьев с использованием флуоресцентного красителя акридинового оранжевого [9]. Листья фиксировали 20 мин в растворе красителя, после чего микроскопия проводилась с использованием конфокального микроскопа (фильтр широкополосный R Ex 620-650, DM 660, Em 670-750).

По результатам микроскопии было подсчитано количество некротизированных устьиц у каждого из вариантов обработки в 3 технических повторностях. Установлено, что у образцов, обработанных дцРНК, среднее по 3 повторностям количество некротизированных устьиц было снижено в 2,7-5,4 раза в зависимости от варианта обработки. Также было определено, что обработка листьев дцРНК-конструкциями на основе *CHSD* показала наибольшее снижение некротизированных устьиц по сравнению с контрольными листьями.

Исследование потенциала РНК-интерференции для контроля патогенов растений является важной задачей для обеспечения устойчивости сельского хозяйства. В данной работе представлены результаты использования двуцепочечных РНК для подавления генов хитинсинтаз у грибов рода *Fusarium*, влияние подавления таргетных генов на вирулентность патогена было оценено *in vivo* (*Capsicum annuum* L.).

Список литературы:

1. Savary S. et al. The global burden of pathogens and pests on major food crops //Nature ecology & evolution. – 2019. – Т. 3. – №. 3. – С. 430-439.
2. Anand G., Rajeshkumar K. C. Challenges and threats posed by plant pathogenic fungi on agricultural productivity and economy //Fungal diversity, ecology and control management. – Singapore : Springer Nature Singapore, 2022. – С. 483-493.
3. Loganathan M. et al. Morphological, cultural and molecular characterizations of Fusarium wilt infecting tomato and chilli //National Symposium on Abiotic and Biotic Stress Management in Vegetable Crops. Indian Society of Vegetable Science, IIVR. – 2013. – С. 12-14.
4. Hannon G. J. RNA interference //nature. – 2002. – Т. 418. – №. 6894. – С. 244-251.
5. Calantha: Effective Bio-pesticide for CPB Control [Internet]. Calantha. 2024 [cited 2025 Sep 16]. Available from: <https://calanthaag.com/>
6. Cheng W. et al. Host-induced gene silencing of an essential chitin synthase gene confers durable resistance to Fusarium head blight and seedling blight in wheat //Plant biotechnology journal. – 2015. – Т. 13. – №. 9. – С. 1335-1345.
7. Larson T. M. et al. Fusarium verticillioides chitin synthases CHS5 and CHS7 are required for normal growth and pathogenicity //Current Genetics. – 2011. – Т. 57. – №. 3. – С. 177-189.
8. Engalycheva I. et al. Fusarium Species Causing Pepper Wilt in Russia: Molecular Identification and Pathogenicity //Microorganisms. – 2024. – Т. 12. – №. 2. – С. 343.
9. Yamamoto D. T., Uchida J. Y. Rapid nuclear staining of Rhizoctonia solani and related fungi with acridine orange and with safranin O //Mycologia. – 1982. – Т. 74. – №. 1. – С. 145-149.

ПОЛУЧЕНИЕ РЕКОМБИНАНТНЫХ ВИРУСОВ АФРИКАНСКОЙ ЧУМЫ СВИНЕЙ С РЕПОРТЕРНЫМ ГЕНОМ GFP ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ ВИРУСНЫХ ПРОМОТОРОВ

Рудакова С.В., Сухер М.М., Кольцов А.Ю., Кольцова Г.С.

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр вирусологии и микробиологии»
(ФГБНУ ФИЦВиМ), ул. Академика Бакулова, стр. 1, пгт. Вольгинский, Владимирская
обл., Россия, 601125; E-mail: sofia.rudakova@mail.ru

Африканская чума свиней (АЧС) – это контагиозная болезнь домашних свиней и кабанов с высокой летальностью, характеризуется лихорадкой, обширными геморрагиями и цианозом кожи, тяжёлыми поражениями внутренних органов. Возбудителем болезни – единственный представитель семейства *Asfviridae* и рода *Asfivirus* крупный цитоплазматический ДНК-содержащий вирус со сложноорганизованным геномом. Размер вируса варьирует от 170 до 193 нм. Вирус реплицируется в цитоплазме макрофагов.

Экспрессия генов вируса АЧС происходит в упорядоченной последовательности по типу каскадного механизма. Перед репликацией ДНК запускаются пред-ранние мРНК, которые, в свою очередь, запускают ранние мРНК. После начала репликации ДНК начинается уже транскрипция средних генов, а транскрипция поздних генов достигает максимальных уровней через 12-16 часов после инфекции и медленно уменьшается до конца цикла заражения, который занимает около 18 часов.

На основании результатов биоинформатического анализа генома вируса АЧС и РНК-секвенирования его транскриптомы было предсказано, какие гены являются ранними, а какие поздними. Несколько исследований были посвящены изучению вирусных промоторов, однако эти исследования ограничивались только некоторыми промоторами, в основном достаточно хорошо охарактеризованных генов. Ранее нами были проведены исследования по характеристике времени включения и силы 15 промоторов генов вируса АЧС (*A137R*, *E184L*, *D205R*, *I267L*, *CP2475L*, *B646L*, *D117L*, *S273R*, *D1133L*, *MGF360-15R*, *A179L*, *I226R*, *DP146L*, *B125R*, *S183L*) с использованием генетических конструкций, содержащих ген GFP под контролем вирусного промотора каждого гена. Анализ времени включения промоторов проводили методом флуоресцентной микроскопией на основании детекции GFP в клетках COS-1 после трансфекции их полученными ДНК-конструкциями и инфекции вирусом АЧС. Анализ силы промоторов проводили методом спектрофотометрии на основании детекции GFP в клетках COS-1 после трансфекции их полученными плазмидами и инфекции вирусом АЧС. Было продемонстрировано, что все охарактеризованные промоторы относятся к разным по времени включения промоторам генов вируса АЧС. Кроме того, нам удалось идентифицировать 4 промотора генов *A137R*, *E184L*, *D205R*, *CP2475L*, которые оказались сильнее изученного ранее промотора гена *B646L* (p72). С целью подтверждения результатов, на следующем этапе работ мы решили получить рекомбинантные вирусы и провести анализ промоторов при вирусной репликации.

В связи с этим, целью данной работы было получение рекомбинантных вирусов АЧС с репортерным геном GFP под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*.

Для выполнения данной цели нами были поставлены следующие задачи:

1. Получить генетические конструкции для создания рекомбинантных штаммов вируса АЧС путём гомологичной рекомбинации.
2. Получить рекомбинантные штаммы вируса АЧС с репортерным геном *GFP* под контролем промоторов выбранных генов.
3. Провести первичную характеристику времени включения и силы промоторов выбранных генов с использованием полученных рекомбинантных вирусов.

Нами были выбраны промоторы генов *D205L*, *A137R*, *I267L* и *E184L*, как наиболее сильные. Для того чтобы исключить влияние области генома на силу и время включения промотора, для всех 4 рекомбинантных вирусов ген GFP с соответствующим промотором был включён в правую варибельную часть генома вируса АЧС штамма KK262. Преимуществом штамма KK262 является его эффективная репликация не только в первичных культурах клеток, но и в перевиваемых линиях клеток, например, COS-1.

Нами были получены 4 генетические конструкции («рекомбинационные кассеты»), которые содержали ген GFP с соответствующим промотором, а также «плечи

рекомбинации» (Larm, Rarm). Нуклеотидная последовательность полученных конструкций была верифицирована секвенированием по методу Сэнгера.

Мы использовали сконструированные рекомбинационные кассеты pUnk_GFP (с промотором гена *E184L*), pI267L_GFP (с промотором гена *I267L*), pI1.5_GFP (с промотором гена *A137R*) и pD205R_GFP (с промотором гена *D205R*) для получения рекомбинантных штаммов вируса африканской чумы свиней методом гомологичной рекомбинации. Для этого клетки COS-1 инфицировали вирусом АЧС штамм Congo-a (KK262) с множественностью заражения 1 MOI. Инфицированные клетки инкубировали 2 часа в CO₂-инкубаторе при 37°C, после чего клетки промывали и проводили трансфекцию клеток соответствующей рекомбинационной кассетой.

Селекцию рекомбинантных клонов вируса АЧС осуществляли методом предельных разведений вирусосодержащей культуральной жидкости на культурах клеток COS-1 и первичной культуре клеток макрофагов свиней. В результате 7 раундов предельных разведений были получены рекомбинантные штаммы вируса АЧС с репортерным геном GFP под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*. Первичное накопление вирусного материала проводили на культуре клеток макрофагов свиней. Далее полученный материал был использован для инфекции культуры клеток COS-1 для получения вирусных стоков.

Для оценки времени включения промоторов клетки COS-1 инфицировали полученными ранее рекомбинантными вирусами и проводили фотофиксацию всех полей лунок каждый час в течение 24 часов с использованием системы «CELENA X». Далее проводили подсчёт времени разгорания GFP. Анализ времени разгорания зелёного флуоресцентного белка показал, что выбранные нами 4 промотора генов вируса африканской чумы свиней являются ранними промоторами. Полученные данные с использованием рекомбинантных вирусов согласовывались с данными, полученными ранее с использованием генетических конструкций.

Для анализа силы экспрессии клетки COS-1, инфицированные полученными ранее рекомбинантными вирусами, собирали через 24, 48 и 72 часа и использовали для измерения общего количества белка и сигнала флуоресценции. В качестве референтного промотора использовали промотор гена *A137R*. Результаты показали, что сила промотора гена *E184L* в 5 раз выше по сравнению с референтным промотором, сила промотора гена *D205R* в 1,5 раз ниже по сравнению с референтным промотором, а сила промотора гена *I267L* в 2 раза ниже по сравнению с референтным промотором.

Таким образом, в результате проведенных работ были получены рекомбинантные вирусы АЧС с репортерным геном GFP под контролем промоторов генов *D205R*, *A137R*, *I267L* и *E184L*. В ходе предварительных экспериментов продемонстрировано, что *A137R* и *E184L* являются наиболее сильными. Хотя изучение промоторов вируса АЧС связано с необходимостью понимания биологии вирусов, характеристика промоторов вируса АЧС позволит получать рекомбинантные вирусы с разным уровнем и временем экспрессии интересующих генов, что актуально для создания живых рекомбинантных вакцин против АЧС.

ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОДУКТОВ ГЛУБОКОЙ ПЕРЕРАБОТКИ ЗЕРНА ОЗИМОЙ ТРИТИКАЛЕ

Семенова А.В.^{1,2}, Адикаева Л.В.², Соловьев А.А.^{1,3}

*1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;*

E-mail: iab@iab.ac.ru

*2 – Всероссийский научно-исследовательский институт крахмала и переработки
крахмалсодержащего сырья–филиал ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр
картофеля имени А.Г. Лорха» (ВНИИК–филиал ФГБНУ «ФИЦ картофеля имени А.Г.
Лорха»), Московская обл. 140051;*

E-mail: yniik@arrisp.ru

*3 – Федеральное государственное бюджетное учреждение «Всероссийский центр
карантина растений» (ФГБУ «ВНИИКР»), Московская обл. 140150;*

E-mail: yniikr@fsvps.gov.ru

На сегодняшний день тритикале представляет значительный научный и практический интерес в контексте применения в агропромышленном комплексе. Это гибридная злаковая культура, сочетающая в себе генетические преимущества пшеницы и ржи и обладающая высоким содержанием сырого протеина и незаменимых аминокислот [1], что делает ее перспективным сырьем для производства пищевых продуктов и комбикормов. В сравнении с пшеницей тритикале демонстрирует более высокие показатели урожайности и биомассы, что открывает широкие возможности для использования данной культуры в биотехнологических процессах [2].

Тритикале является ценным источником крахмала, который может быть эффективно использован для производства различных биомолекул и биопродуктов. Высокое содержание крахмала в зерне тритикале предоставляет значительные возможности для разработки новых технологий переработки, включая производство этилового спирта, биоразлагаемых полимеров и других биопродуктов [3].

На накопление крахмала в зерне тритикале и строение гранул крахмала оказывают влияние генетические и ботанические факторы. Содержание крахмала у гибридов тритикале первого поколения в большинстве случаев наследуется промежуточно или по типу депрессии. При этом не установлен достоверный реципрокный эффект [4]. Выявлены различия в активности ферментов, участвующих в синтезе крахмала, у «полнокомплектных» и «замещенных» форм генотипов тритикале [5]. Отмечено негативное влияние водного стресса на экспрессию генов биосинтеза крахмала в зерне тритикале, что в то же время приводит к увеличению доли амилозы в крахмале. Последнее связано с усилением экспрессии генов гранулосвязанной крахмалсинтазы [6]. На свойства получаемого крахмала может оказывать влияние способ выделения крахмала из сырья, а также последующая обработка крахмала, направленная на его очистку от примесей. Это связано с воздействием на структурно-механические свойства белковой сетки зерна в процессе переработки, а также на влияние некрахмалистых полисахаридов на извлечение крахмала из зерна [1].

В лабораторных условиях Всероссийского научно-исследовательского института крахмала и переработки крахмалсодержащего сырья исследован процесс переработки новых сортов озимой тритикале селекции ФГБНУ «ФРАНЦ»: *Аргус*, *Кларнет* и *Кураж 88*. Сортообразцы тритикале подвергались последовательной переработке на крахмал и сопутствующие продукты с использованием технологии «завод на столе» [1]. Данная методика включает в себя ряд этапов, начиная с замачивания зерна в 0,25%-ном растворе

метабисульфита натрия, что позволяет минимизировать окислительные процессы и сохранить ценные компоненты зерна. Затем следует стадия мокрого помола, обеспечивающая эффективное диспергирование крахмальных зерен и их отделение от белковой фракции и клетчатки. Эта комплексная процедура позволяет оптимизировать выход целевых продуктов и минимизировать потери ценных компонентов зерна.

Установлены следующие показатели массовой доли крахмала в образцах озимой тритикале (% к СВ): Аргус – 67,9%; Кларнет – 67,5%; Кураж 88 – 68,7%.

В результате глубокой переработки зерна тритикале получено следующее соотношение выходов продуктов переработки (% а.с.в. зерна):

1) Сорт Аргус: крахмал А – 52,76%; зерновой экстракт – 5,15%; мезга – 14,73%; крахмал Б – 17,00%; процессовая вода – 10,28%. Потери крахмала с мезгой составили 1,73%; потери с крахмалом Б – 9,26%.

Соотношение *крахмал : белок* (% к СВ) в крахмале Б (белковом концентрате) составило 54,44 : 32,20.

Полученный крахмал А имел следующие качественные показатели: влажность – 10,25%; массовая доля золы – 0,14%СВ; массовая доля протеина – 0,28%СВ; кислотность – 6,1 см³ добавленного 0,1 н. раствора гидроксида натрия. Показатель белизны крахмала составил 95,9 ед. прибора. Образец крахмала содержал 25,0% амилозы и 75% амилопектина.

2) Сорт Кларнет: крахмал А – 55,03%; зерновой экстракт – 5,88%; мезга – 13,89%; крахмал Б – 14,36%; процессовая вода – 10,84%. Потери крахмала с мезгой составили 1,11%; потери с крахмалом Б – 7,51%.

Соотношение *крахмал : белок* (% к СВ) в крахмале Б (белковом концентрате) составило 52,31 : 30,90.

Полученный крахмал А имел следующие качественные показатели: влажность – 12,00%; массовая доля золы – 0,16%СВ; массовая доля протеина – 0,30%СВ; кислотность – 6,2 см³ добавленного 0,1 н. раствора гидроксида натрия. Показатель белизны крахмала составил 95,7 ед. прибора. Образец крахмала содержал 21,5% амилозы и 78,5% амилопектина.

3) Сорт Кураж 88: крахмал А – 54,15%; зерновой экстракт – 6,25%; мезга – 14,08%; крахмал Б – 14,17%; процессовая вода – 11,35%. Потери крахмала с мезгой составили 1,69%; потери с крахмалом Б – 8,00%.

Соотношение *крахмал : белок* (% к СВ) в крахмале Б (белковом концентрате) составило 56,42 : 31,30.

Полученный крахмал А имел следующие качественные показатели: влажность – 10,80%; массовая доля золы – 0,19%СВ; массовая доля протеина – 0,45%СВ; кислотность – 8,1 см³ добавленного 0,1 н. раствора гидроксида натрия. Показатель белизны крахмала составил 94,2 ед. прибора. Образец крахмала содержал 27,4% амилозы и 72,6% амилопектина.

Исследованные сортообразцы озимой тритикале продемонстрировали высокую эффективность в процессе глубокой переработки: выход крахмала во всех образцах превысил 50% а.с.в. зерна, а в сорте Кларнет – достигал 55% а.с.в. зерна, благодаря низким потерям крахмала с мезгой. Установлено высокое содержание белка в образцах крахмала Б (свыше 30%), что свидетельствует о его высокой питательной и кормовой ценности при дальнейшем использовании в пищевой промышленности или получении комбикормов.

Выделенные крахмалы (крахмал А) продемонстрировали соответствие высоким стандартам качества, установленным для пшеничного крахмала (ГОСТ 31935-2012). По органолептическим и физико-химическим параметрам образцы крахмалов тритикале сортов Аргус и Кларнет соответствовали высшему сорту пшеничного крахмала, тогда как образец крахмала тритикале сорта Кураж 88 соответствовал первому сорту, что

обусловлено более высокой концентрацией протеинов. Все исследованные образцы крахмала, полученные из зерна озимой тритикале, характеризовались низкой кислотностью (менее 10 см³ добавленного 0,1 н. раствора гидроксида натрия) и зольностью (менее 0,2% сухого вещества), а также высокими показателями белизны (более 94 единиц прибора). Массовая доля амилозы в образцах крахмала тритикале варьировалась в пределах 21,5–27,5% сухого вещества, что соответствует усредненным значениям, характерным для данного типа крахмала.

Эти результаты свидетельствуют о большом потенциале тритикалевого крахмала как функционального компонента, который может найти применение в различных пищевых и промышленных целях, что подтверждается его физико-химическими и органолептическими характеристиками.

Список литературы:

1. Андреев Н.Р., Гольдштейн В.Г., Носовская Л.П., Адикаева Л.В. Переработка муки тритикале на клейковину и крахмал. Хранение и переработка сельхозсырья. 2017. 9. 8–11.
2. Correa-Pacheco Z., González-Fuentes P.A., Tramon C., Solorzano-Ojeda S.C., Zúñiga-Quintana A., Gutiérrez M.A., Pérez J.L. Physico-chemical and mechanical thermo-rheological characterization of three varieties of triticale starches. Superficies y Vacío. 2019. 32. 1–5. DOI: [10.47566/2019_syv32_1-010001](https://doi.org/10.47566/2019_syv32_1-010001)
3. Liu X., Unaegbunam E., Stuart D.T. Co-Production of Isobutanol and Ethanol from Prairie Grain Starch Using Engineered *Saccharomyces cerevisiae*. Fermentation. 2021. 7 (3). 150. DOI: [10.3390/fermentation7030150](https://doi.org/10.3390/fermentation7030150)
4. Крохмаль А.В., Грабовец А.И. Наследование содержания крахмала гибридами F1 озимой тритикале. Известия ОГАУ. 2016. 4 (60). 30–32.
5. Cornejo-Ramírez Y.I., Cinco-Moroyoqui F.J., Carvajal-Millán E., Brown-Bojórquez F., Rosas-Burgos E.C., Burgos-Hernández A., Burgos-Hernández A., Martínez-Cruz O., Del Toro-Sánchez C.L. Dynamic rheology and microstructure of starch gels affected by triticale genomic composition and developing stage. International Agrophysics. 2019, 21–30. doi: [10.31545/intagr/103752](https://doi.org/10.31545/intagr/103752)
6. Zhu F. Triticale: Nutritional composition and food uses. Food Chem. 2018. 241. 468–479. DOI: [10.1016/j.foodchem.2017.09.009](https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.09.009)

ХАРАКТЕРИСТИКА ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, ПОЛУЧЕННЫХ С УЧАСТИЕМ ВИДОВ СЕКЦИИ *BOEOTICUM*, ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ

Щелканов Д.А.^{1,2}, Рубец В.С.^{1,3}, Черноок А.Г.³

*1 – ФГБУН «Главный ботанический сад им. Н. В. Цицина Российской академии наук»
(ФГБУН ГБС РАН), Москва 127276 E-mail: danila.shelkanov@yandex.ru*

*2 – ФГАУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный
исследовательский университет)» (ФГАУ ВО МФТИ), Москва 141701*

*3 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии», (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127 550*

Пшеница Тимофеева *Triticum timopheevii* Zhuk. ($2n = 4x = 28$, A¹A¹GG) является донором устойчивости к листовым болезням. По геномному составу она отличается от мягкой пшеницы *T.aestivum* L. ($2n = 6x = 42$, AABBDD). В связи с этим наблюдаются трудности при переносе генетического материала в мягкую пшеницу, для передачи полезных признаков. Однако путем скрещивания этих видов разным исследователям удается получить новый селекционный материал (Мартынов и др., 2018).

У *T.timopheevii* известно 5 генов устойчивости к бурой (листовой) ржавчине, возбудитель *Puccinia triticina* Eriks.: *Lr18*, *Lr50*, *LrTt1*, *LrTt2*, *LrSelG12* (Singh et al., 2017), на эти гены известны молекулярные маркеры класса SSR.

Объектом исследования служили 97 линий пшеницы поздних поколений, полученные в Институте общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН от скрещивания мягкой пшеницы с видами *T.timopheevii*, *T.militinae* Zhuk. et Migush ($2n = 4x = 28$, A¹A¹GG), *T.kiharae* Dorof. et Migusch. (A¹A¹GGDD, $2n = 6x = 42$).

Тип реакции растений на заражение возбудителем бурой ржавчины определяли по балльной шкале, где 0 – иммунитет, без симптомов; 0; – некрозы без пустул; 1 – устойчивый, очень мелкие пустулы с некрозом; 2 – умеренно устойчивый, пустулы мелкие или средние, с некрозом; 3 – умеренно восприимчивый, пустулы средней величины без некроза; 4 – восприимчивый, пустулы крупные, часто сливающиеся (Mains, Jackson, 1926). Степень поражения растений (в %) оценивали по сравнительной шкале (Peterson et al., 1948).

В 2024 и 2025 гг. в полевых условиях отдела отдаленной гибридизации ГБС РАН (Московская область) на естественном инфекционном фоне было выявлено, что часть образцов проявляют устойчивость к местной популяции бурой ржавчины, при этом характер поражения в оба года оказался сходным. По типу реакции образцы имели проявление от 0 (иммунитет), до 4 (восприимчивость) баллов. Степень поражения составила от 0 до 100 %. Почти половина образцов оказалась устойчива, большая часть из них показала реакцию 0; (относительный иммунитет).

Для того чтобы выяснить генетическую природу устойчивости, образцы оценивали на наличие генов *LrTt2* и *LrSelG12* с помощью молекулярных маркеров. Доминантный маркер *Xbarc232* детектирует транслокацию T5BS.5BL-5GL, где может находиться ген *LrTt2* (Leonova et al., 2017). Доминантный маркер *Xgwm547* расположен на расстоянии 6 cM от гена *LrSelG12*, хромосома 3BL. В результате ПЦР-анализа с помощью маркера *Xgwm547* в 38 образцах выявлен фрагмент, характерный для *T.timopheevii*. В 25 образцах, с помощью маркера *Xbarc232* выявлено отсутствие ампликона в приблизительно 200 пар нуклеотидов, как и в образце *T.timopheevii*. Большая часть образцов, предположительно несущих хотя бы один из этих генов, была устойчива к бурой ржавчине.

Для включения в селекционный процесс было отобрано 5 устойчивых линий, из них в 4 генов устойчивости выявлено не было. В условиях искусственного климата были проведены скрещивания 3 из них с восприимчивыми образцами, из части гибридных зерновок выращено поколение F₁. В 2025 г. в полевых условиях по результату оценки F₁ определено, что устойчивость этих линий наследуется как доминантный признак, а по расщеплению в F₂ с помощью критерия χ^2 Пирсона установлено, что устойчивость может обеспечиваться либо 1 доминантным геном, либо 2 генами, один из которых рецессивный.

Таким образом, изученные линии можно использовать в селекции пшеницы в качестве доноров и источников устойчивости к бурой ржавчине. Необходимо продолжить работу по идентификации других генов устойчивости в изучаемых образцах.

Работа выполнена в рамках Госзадания ГБС РАН «Гибридизация у растений в природе и культуре: фундаментальные и прикладные аспекты» (№ 122042500074-5).

Список литературы:

1. Мартынов, С.П. Анализ распространения генетического материала *Triticum timopheevii* Zhuk. В сортах мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) / С. П. Мартынов, Т. В. Добротворская, В. А. Крупнов // Генетика. – 2018. – Т. 54, № 2. – С. 177-186. – DOI 10.7868/S0016675818020121
2. Leonova I.N., Stasyuk A.I., Skolotneva E.S., Salina E.A. Enhancement of leaf rust resistance of Siberian winter wheat varieties by marker-assisted selection. *Cereal Research Communications*. 2017. 45(4): 621-632.
3. Mains E.B., Jackson H.S. Physiologic specialization in the leaf rust of wheat *Puccinia triticina* Erikss. *Phytopathology*. 1926. 16(2): 89-120.
4. Peterson R.F., Champbell A.B., Hannah A.E. A diagramatic scale for estimating rust intensity of leaves and stem of cereals. *Can. J. Res.* 1948. 26(5): 496-500.
5. Singh A.K., Sharma J.B., Vinod, Singh P.K., Singh A. and Mallick N. Genetics and mapping of a new leaf rust resistance gene in *Triticum aestivum* L. × *Triticum timopheevii* Zhuk. derivative 'Selection G12'. *Journal of Genetics*. 2017. 96 (2): 291-297.

НОКАУТ ГЕНА *STDMR6-1* У РАСТЕНИЙ КАРТОФЕЛЯ *S. TUBEROSUM* L. С ПОМОЩЬЮ CRISPR/CAS9

Волков М.К., Антипов А.Д., Сущенко А.С., Монахова Ю.В.,

Трофимов А.С., Карлов В.Д. *

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;

E-mail: v4slvk@yandex.ru

Фитофтороз, вызываемый оомицетом *Phytophthora infestans*, признан одним из наиболее разрушительных заболеваний картофеля во всём мире. Существует два основных подхода по борьбе с патогеном: обработка растений фунгицидами и использование устойчивых сортов картофеля. Селекция устойчивых сортов картофеля осуществляется путём интрогрессии генов резистентности (R) [1]. Однако, известны изоляты *P. infestans*, преодолевающие устойчивость, опосредованную R-генами [2]. Альтернативный подход к созданию устойчивых сортов картофеля предполагает инактивацию генов восприимчивости (S). Многие S-гены кодируют негативные регуляторы защитных реакций растений. Например, ген *Stdmr6-1* кодирует 2-оксоглутарат Fe(II)-зависимую оксигеназу, которая катализирует превращение салициловой кислоты в производную 2,5-гидроксibenзойную кислоту [3]. Согласно литературным данным, подавление активности DMR6-1 способствовало увеличению концентрации салициловой кислоты в тканях растений и, как следствие, повышению устойчивости к ряду патогенов, включая *P. infestans* [4]. Таким образом, создание растений картофеля с инактивированным геном *Stdmr6-1* позволит значительно облегчить борьбу с фитофторозом и снизить экономические издержки при выращивании картофеля.

В работе использовался восприимчивый сорт Фрителла культурного картофеля *S. tuberosum* L., предоставленный ФГБНУ «ФИЦ картофеля имени А.Г. Лорха». Направленная модификация гена *Stdmr6-1* осуществлялась с помощью CRISPR/Cas9. Одна гидовая РНК (gRNA) была подобрана к первому экзону и три gRNA ко второму экзону целевого гена. Комбинации из двух gRNA были клонированы в вектор pKSE401. Доставка векторов pKSE401-dmr6-A и pKSE401-dmr6-B в клетки картофеля осуществлялась путём агробактериальной трансформации каллуса с помощью *A. tumefaciens* штамма AGL0.

В результате агробактериальной трансформации эксплантов картофеля суммарно было получено 79 регенерантов. Согласно данным таргетного высокопроизводительного

секвенирования при редактировании вектором pKSE401-dmr6-A индел-мутации хотя бы в одной аллели содержали 43 из 53 регенеранта, при редактировании вектором pKSE401-dmr6-B – 2 из 26. Ни в одном из растений не удалось добиться редактирования всех четырёх аллелей. Более того, 62% растений, содержащих индел-мутации, содержали аллели с делециями кратного трём числа нуклеотидов. Такие мутации не приводят к сдвигу открытой рамки считывания и, чаще всего, не влияют на работу белка-продукта гена. Наблюдаемая низкая эффективность редактирования гена *Stdmr6-1* может объясняться критической значимостью гена в жизнедеятельности картофеля. Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации FGUM-2023-0003.

Список литературы:

1. Vleeshouwers V. G. A. A. et al. Understanding and exploiting late blight resistance in the age of effectors //Annual review of phytopathology. – 2011. – Т. 49. – С. 507-531.
2. Fry W. Phytophthora infestans: the plant (and R gene) destroyer //Molecular plant pathology. – 2008. – Т. 9. – №. 3. – С. 385-402.
3. Brewer H. C., Hawkins N. D., Hammond-Kosack K. E. Mutations in the Arabidopsis homoserine kinase gene DMR1 confer enhanced resistance to Fusarium culmorum and F. graminearum //BMC plant biology. – 2014. – Т. 14. – №. 1. – С. 1-15.
4. Sun K. et al. Silencing of six susceptibility genes results in potato late blight resistance //Transgenic research. – 2016. – Т. 25. – С. 731-742.

АНАЛИЗ ТРАНСКРИПЦИОННОЙ АКТИВНОСТИ МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В *NICOTIANA BENTHAMIANA* ПРИ ВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИИ И ДЕЙСТВИИ СУПРЕССОРОВ САЙЛЕНСИНГА

Ухолкина Е.Д.^{1*}, Болотина А.А.², Меркулов П.Ю.^{2,3}, Киров И.В.^{2,3}.

- 1 **Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Национальный исследовательский университет „Высшая школа экономики“**
- 2 **Московский физико-технический институт (МФТИ), Долгопрудный 141701; 3 Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва, Россия**

***Email: lizauholkina@gmail.com**

Мобильные элементы составляют значительную часть растительных геномов, активно участвуя в их структурной перестройке, регуляции экспрессии генов и эволюции новых признаков. Их инсерции могут приводить к появлению новых фенотипических признаков. Поэтому важной задачей является изучение механизмов их активации и подходов к контролю их активности, что позволит ускорять эволюционные процессы и получать сельскохозяйственные растения с заданными признаками.

Активность мобильных элементов в нормальных условиях подавлена системами сайленсинга, такими как РНК-интерференция и ДНК-метилирование. До конца неясно, какие именно факторы способны запускать их активацию. Одним из наименее изученных

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

факторов, способных повлиять на эпигенетическую регуляцию мобильных элементов, является вирусное заражение. Так, на примере *Arabidopsis thaliana* было показано, что инфицирование вирусом TRV (Tobacco rattle virus) сопровождается снижением уровня метилирования некоторых мобильных элементов и повышением их транскрипционной активности [1]. Среди факторов, подавляющих системы сайленсинга у растений, особое место занимают вирусные супрессоры, такие как HC-Pro [2] и P19 [3], обладающие различными механизмами действия. Эти белки применяются для ингибирования РНК-интерференции, что облегчает репликацию вирусов в инфицированных растениях. Эти данные указывают на то, что вирусное заражение может быть одним из факторов, способствующих активации мобильных элементов.

Nicotiana benthamiana широко используется как модельное растение для изучения вирусных инфекций и механизмов РНК-сайленсинга. Кроме того, сложная аллотетраплоидная организация генома делает этот вид перспективным объектом для переноса полученных данных на сельскохозяйственные культуры с аналогичной геномной архитектурой. Однако, несмотря на активное применение в молекулярной биологии, мобилом *N. benthamiana* остаётся слабо охарактеризованным. Поэтому целью данной работы является анализ изменений транскрипционной активности мобильных элементов у *N. benthamiana* при заражении тремя различными вирусами (PVX, TRV, TRSV) в присутствии и отсутствии вирусных супрессоров сайленсинга.

Для введения вирусной инфекции использовали метод агроинфильтрации: вирусные конструкции сначала переносили в клетки *Agrobacterium tumefaciens* с помощью электропорации, после чего растения инфильтрировали суспензией агробактерий. В некоторых вариантах дополнительно для усиления инфекции применялись конструкции экспрессирующие супрессоры сайленсинга (VSR, viral suppressor of RNA silencing) HC-Pro и P19.

На 14-й день после заражения из системных листьев выделяли тотальную РНК. На её основе синтезировали одноцепочечную кДНК, после чего проводили ПЦР с вирус-специфичными праймерами. У растений, заражённых TRV и PVX, ПЦР-продукты присутствовали как в вариантах без супрессоров сайленсинга, так и с ними. Варианты с TRSV давали слабый ПЦР-продукт без супрессоров, который усиливался при их совместном применении, что указывает на повышение эффективности вирусной репликации при использовании VSR.

При анализе транскриптов мы обнаружили достоверное увеличение экспрессии мобильных элементов в растениях, зараженных TRV, PVX и P19. Наиболее выраженный эффект наблюдался при инфицировании PVX, который вызвал активацию 44 мобильных элементов. Варианты с TRV и P19 вызвали одинаковую активацию 5 элементов, в то время как при заражении TRSV достоверного увеличения экспрессии мобильных элементов не было обнаружено.

Таким образом, полученные данные демонстрируют дифференциальную активацию мобильных элементов в *N. benthamiana* в ответ на заражение различными вирусами и экспрессию вирусных супрессоров сайленсинга. Полученные результаты подтверждают перспективность использования *Nicotiana benthamiana* как модельного организма для изучения регуляции мобильных элементов в условиях вирусной инфекции. Выявленные эффекты вирусов и вирусных супрессоров на транскрипционную активность мобилома подчёркивают их возможную роль в нарушении эпигенетического контроля и создают основу для дальнейшего изучения механизмов их взаимодействия. Работа выполнена при поддержке гранта РФ №22-64-00076.

Список литературы:

1. Diezma-Navas, Laura et al. "Crosstalk between epigenetic silencing and infection by tobacco rattle virus in *Arabidopsis*." *Molecular plant pathology* vol. 20,10 (2019): 1439-1452. doi:10.1111/mpp.12850
2. Mallory, A C et al. "HC-Pro suppression of transgene silencing eliminates the small RNAs but not transgene methylation or the mobile signal." *The Plant cell* vol. 13,3 (2001): 571-83. doi:10.1105/tpc.13.3.571
3. Silhavy, Dániel et al. "A viral protein suppresses RNA silencing and binds silencing-generated, 21- to 25-nucleotide double-stranded RNAs." *The EMBO journal* vol. 21,12 (2002): 3070-80. doi:10.1093/emboj/cdf312

ВИРУС-ИНДУЦИРОВАННОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНОМА *ARABIDOPSIS THALIANA* С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ КОМПАКТНЫХ РНК-НАПРАВЛЕННЫХ ДНК-ЭНДОНУКЛЕАЗ

Уткина В.В.^{1,2}, Мардини М.¹, Киров И.В.^{1,2}

1 - ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)» (МФТИ), Москва 141701; Email: info@mipt.ru

2 - ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; Email: biotech@iab.ac.ru

В отличие от классического подхода в редактировании растительного генома вирус-индуцированное геномное редактирование (VIGE) позволяет вносить точные изменения в гены растений без трансгенеза, и не требуя трудоемкого этапа трансформации и регенерации трансформированных тканей *in vitro*. Вирусы, как перспективный способ доставки компонентов для редактирования, способны системно распространяться по растениям и в некоторых случаях проникать в меристемы, однако их ограниченная грузоподъемность затрудняет перенос крупных систем редактирования типа CRISPR-Cas [1]. В связи с этим в последнее время большой интерес уделяется миниатюрным системам редактирования генома, таким как компактные CRISPR-белки и белки семейств TnpB, IscB и ItrB, относящиеся к РНК-направленным эндонуклеазам, кодируемым бактериальными транспозонами [2, 3].

Нами были протестированы различные векторы для редактирования гена *CHLI1 Arabidopsis thaliana* на основе модифицированного вируса погремковости табака (TRV) с участием нескольких типов компактных РНК-направленных ДНК-эндонуклеаз, включая генетическую конструкцию, предложенную в работе Weiss *et al.* (2025) [4]. Анализируя структурные отличия используемых конструкций, мы выявили некоторые факторы, которые могут быть критичными для эффективной работы мини-редактора: процессинг гРНК и формирование RNP-комплекса, сборка вторичной структуры, GC-состав, стабильность вируса и вирусной вставки. В результате проведенных экспериментов было получено соматическое редактирование *A. thaliana* на уровне 40 % у приблизительно 4 % зараженных растений.

Обнаружение эффективных комбинаций вируса, мини-редактора и гРНК на модельном объекте позволит в дальнейшем перенести технологию на сельскохозяйственные культуры.

Список литературы:

1. Liu Q. et al. Engineered biocontainable RNA virus vectors for non-transgenic genome editing across crop species and genotypes //Molecular Plant. – 2023. – Т. 16. – №. 3. – С. 616-631.
2. Ye Z. et al. Efficient genome editing in rice with miniature Cas12f variants //Abiotech. – 2024. – Т. 5. – №. 2. – С. 184-188.
3. Altae-Tran H. et al. The widespread IS200/IS605 transposon family encodes diverse programmable RNA-guided endonucleases //Science. – 2021. – Т. 374. – №. 6563. – С. 57-65.
4. Weiss T. et al. Viral delivery of an RNA-guided genome editor for transgene-free germline editing in Arabidopsis //Nature Plants. – 2025. – С. 1-10.

МОЛЕКУЛЯРНО-ЭВОЛЮЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ДОМЕСТИЦИРОВАННОГО БЕЛКА GAG РЕТРОТРАНСПОЗОНА Ty1/Copia У ДВУДОЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ

Янушкевич М. А.^{1,2}, Полховский А. В.^{1,2}, Киров И. В.^{1,2}

3 – ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет)», Долгопрудный 141707; E-mail: maria.yanushkevich7@gmail.com

4 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550

dGAG представляет собой доместицированный белок GAG ретротранспозона Ty1/Copia, сшитый с транскрипционным фактором KELP. Данный белок широко распространен у двудольных растений, однако его функция неизвестна. Для того, чтобы подтвердить значимость данного гена, мы провели эволюционный анализ гомологов dGAG *A. thaliana* среди других растительных организмов [1].

Гомологи белка dGAG были идентифицированы среди различных представителей двудольных растений с использованием tBLASTn и анализа доменной архитектуры в InterPro. Для последующего анализа мы взяли 15 последовательностей dGAG из разных таксонов. Множественное выравнивание аминокислотных последовательностей, выполненное в Clustal Omega, подтвердило консервативность функционально значимых доменов: DEC-C, p15, GAG и zinc finger (ZF). На основе данного выравнивания было построено филогенетическое дерево в IQ-TREE. Для изучения трехмерной структуры и валидации доменной организации были построены модели в AlphaFold3. Эволюционная динамика и давление отбора оценивались с помощью программы PAML v4.9j методом максимального правдоподобия. Для анализа давления отбора в PAML использовались выравнивание кодирующих последовательностей мРНК на основе кодонов (MAFFT) и филогенетическое дерево, ранее построенное в IQ-TREE.

Филогенетический анализ показал, что эволюция гомологов dGAG в целом соответствует общепринятой филогении двудольных (система APG IV), что свидетельствует о древней доместикации гена и его монофилитическом происхождении. Моделирование трехмерных структур выявило схожую пространственную организацию консервативных доменов у разных организмов. Анализ селективного давления выявил преобладание очищающего отбора ($dN/dS < 1$) по всей последовательности, что указывает на функциональные ограничения и важность белка для организма. При этом были обнаружены отдельные сайты, демонстрирующие признаки положительного отбора, которые могут быть связаны с адаптацией к определенным процессам.

Полученные данные — консервативная доменная архитектура, соответствие видовой филогении и преобладание очищающего отбора — являются вескими косвенными свидетельствами важной функциональной значимости белка dGAG в растительных организмах. Дальнейшие исследования, направленные на экспериментальное подтверждение функции dGAG, помогут раскрыть его конкретную роль, потенциально связанную с иммунным ответом на вирусные заболевания у растений.

Список литературы:

1. Jianhua Wang, Guan-Zhu Han, Unearthing LTR Retrotransposon gag Genes Co-opted in the Deep Evolution of Eukaryotes, *Molecular Biology and Evolution*, Volume 38, Issue 8, August 2021, Pages 3267–3278, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab101>.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМОВ J И ST ДИКОРАСТУЩИХ ЗЛАКОВ

Юркина А.И., Крупин П.Ю., Дивашук М.Г.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail: aaaaaa3197@gmail.com

Снижение генетического разнообразия культурной мягкой пшеницы, вызванное использованием ограниченного числа родительских форм, приводит к обеднению генофонда и уязвимости растений к стрессам. Для преодоления этой проблемы необходимо вовлечение генетических ресурсов дикорастущих сородичей, прежде всего видов с J и St геномами (*Thinopyrum* и *Pseudoroegneria*), обладающих устойчивостью к засолению, засухе и болезням, а также генами, улучшающими качество зерна [1-4]. Молекулярно-генетическое изучение геномов этих видов важно как для понимания эволюции злаков, так и для практического использования в интрогрессии ценных признаков в пшеницу.

Была охарактеризована структура и организация повторяющихся элементов у диплоидных видов *Th. bessarabicum*, *P. spicata*, *P. libanotica* и *P. tauri*, а также полиплоидных видов *Th. sartorii* (2n=28), *Th. caespitosum* (2n=28), *Th. intermedium* (2n=42), *Th. ponticum* (2n=70), *P. spicata* (2n=28), *P. geniculata* (2n=28) и *P. kosaninii* (2n=56), что позволило выявить различия в составе репитома: у *Thinopyrum* LTR-ретротранспозоны занимают 89–92% репитома, а у *Pseudoroegneria* — 81–88%; при этом доля сателлитной ДНК у полиплоидов значительно ниже, чем у диплоидов.

С помощью NGS-секвенирования и биоинформатического анализа были идентифицированы новые специфичные для отдельных видов, включая *Th. bessarabicum*, *P. spicata*, *P. libanotica* и *P. tauri*, многие из которых не имеют гомологов среди культурных злаков трибы *Triticeae*. Копийность J- и St-геномных повторов, определённая методом количественной ПЦР, показала их межвидовую вариабельность и потенциал использования для мониторинга интрогрессий дикорастущих злаков в пшеницу, а также для эволюционных и филогенетических исследований.

FISH-анализ позволил определить хромосомную локализацию сателлитных повторов, выявив прицентромерные, терминальные и проксимальные паттерны гибридизации и подтвердив близость геномов *P. libanotica* и *P. tauri* по сравнению с *P. spicata*.

Список литературы:

1. Плотникова, Л. Устойчивость к засухе интрогрессивных линий яровой мягкой пшеницы с генетическим материалом пырея удлиненного / Л. Плотникова, А. Сагендыкова,

- С. Кузьмина // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 2023. – Vol. 184. – № 2. – P. 38-51. – DOI 10.30901/2227-8834-2023-2-38-51.
2. Colmer, T. D. Use of wild relatives to improve salt tolerance in wheat / T. D. Colmer, T. J. Flowers, R. Munns // Journal of experimental botany. – 2006. – Vol. 57. – № 5. – P. 1059-1078. – DOI 10.1093/jxb/erj124.
3. Isolation and characterization of *Glu-1* genes from the St genome of *Pseudoroegneria libanotica* / S. Liu, X. Zhu, Y. Tan, S. Liu // Gene. – 2012. – Vol. 499. – № 1. – P. 154-159. – DOI 10.1016/j.gene.2012.03.011.
4. V. Pienaar, R. de. Wheat/*Thinopyrum* Hybrids / R. de V. Pienaar // Wheat. – Springer, 1990. – P. 167-217.

АНАЛИЗ ИЗМЕНЕНИЙ ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У T1 ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) С РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЕЙ ГЕНА *HY5*.

Мамажонов Б.О., Аюбов М.С., Юсупов А.Н., Обидов Н.Ш., Муродов А.А.,

Баширхонов З.Х. Имомходжаева А.С. Fayzullayeva G. J.

Центр Геномики и Биоинформатики при АН РУз

Мирзо Улугбекский Национальный Университет Узбекистана,

tamajonovbexzod@gmail.com

В настоящее время глобальные изменения климата оказывают сильное воздействие на развитие живых организмов в природе. В частности, повышение температуры окружающей среды вызывает ряд изменений в физиологических процессах растений, а также в механизмах их адаптации к внешним воздействиям. В результате у растений наблюдается снижение урожайности, задержка цветения и созревания урожая, а также ослабление других морфобиологических процессов развития. Учитывая вышеизложенные проблемы, целью нашего исследования было изучение генов, ассоциированных с ранним развитием растений, и воздействие на их активность с помощью современного биотехнологического метода – РНК-интерференции (РНКi). В качестве объекта исследования был выбран хлопчатник (*Gossypium hirsutum* L.).

В геноме хлопчатника существует ряд транскрипционных факторов, регулирующих множество физиологических процессов, среди которых следует отметить ***ELONGATED HYPOCOTYL5 (HY5)*** – **главный регулятор светочувствительных реакций** [1]. Установлено, что *HY5* относится к ключевым транскрипционным факторам растений, активирующимся под воздействием красного и дальнего красного света, и регулирует экспрессию более чем 3000 генов, связываясь с их промоторами [2, 3]. Активация *HY5* сопровождается снижением синтеза белков у ряда генов, связанных с вегетативным ростом, что вызывает значительные изменения в физиологии хлопчатника и приводит к замедлению проявления хозяйственно ценных признаков, таких как рост, урожайность, скороспелость и устойчивость к стрессам [4]. Исходя из общих свойств транскрипционного фактора *HY5* в геноме хлопчатника, нами была поставлена цель — с помощью технологии *RNAi* модифицировать его активность и, тем самым, повлиять на морфологические и физиологические процессы, ускорив развитие растения.

Материал и методы исследования. В качестве объекта исследования использовали линию хлопчатника Coker 312 (*Gossypium hirsutum* L.). Для снижения экспрессии *HY5* в геноме хлопчатника нами была собрана ген-конструкция на основе синтетического *HY5 (SynHY5) RNAi* дуплекса, размещенного в векторе pART27, и трансформирована в геном

линии *Coker-312*. Методом соматического эмбриогенеза получены регенерантные растения *SynHY5 RNAi*.

Результаты исследования. ПЦР-анализом регенерантов T_0 с использованием специальных праймеров выявили трансгенные растения. Самоопылением T_0 поколения получен урожай семян T_1 , которые после прохождения периода покоя были высажены в полевых условиях и были проведены фенотипические наблюдения по нескольким признакам, а также выполнено генотипирование образцов.

Всхожесть. За всхожестью семян трансгенных (*SynHY5*) и контрольных (*Coker-312*) образцов наблюдали в течение 7 дней. Исследование проводилось в условиях оптимальной температуры и влажности. Установлено, что всхожесть трансгенных семян была на 8–10% выше по сравнению с контролем.

Элонгация корней. После 20–25 дней развития в полевых условиях была измерена длина корней трансгенных и контрольных растений. В результате данного анализа установлено, что средняя длина корней трансгенных растений превышала контрольные образцы на 3–4 см ($SD \pm$). $P < 0.01$.

Элонгация гипокотыля. У трансгенных образцов наблюдалось более быстрое развитие. По результатам измерений длины гипокотыля у трансгенных растений данный показатель был в среднем на 2–3 см ($SD \pm$) выше, чем у контрольных. $P < 0.01$.

Вывод: Проведённые исследования показали, что снижение активности транскрипционного фактора HY5 с помощью технологии RNAi позволяет ускорить ростовые процессы, приводящие к удлинению корней и гипокотыля растений, что в перспективе может привести к сокращению периода вегетации. Таким образом, результаты исследования демонстрируют возможность создания раннеспелых и высокопродуктивных (благодаря лучшему развитию корневой системы) сортов хлопчатника. Дополнительно установлено, что трансгенные растения достигают более продвинутых стадий развития до наступления засушливого периода, что способствует повышению их адаптивных свойств.

Использованная литература

1. He Z, Zhao X, Kong F, Zuo Z, Liu X. TCP2 positively regulates HY5/HYH and photomorphogenesis in Arabidopsis. J Exp Bot. 2016 Feb;67(3):775-85. doi: 10.1093/jxb/erv495. Epub 2015 Nov 23. PMID: 26596765; PMCID: PMC4737077.
2. Li, C., Qi, L., & Li, J. (2021). HY5 and TZP cooperate to help plants respond to far-red light. *Plant Physiology*, 186(1), 88–101. <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab067>.
3. Tang, W., Ji, Q., Huang, Y., Jiang, Z., Bao, M., Wang, H., ... & Lin, R. (2013). FAR-RED ELONGATED HYPOCOTYL3 and FAR-RED IMPAIRED RESPONSE1 transcription factors integrate light and abscisic acid signaling in Arabidopsis. *Plant Physiology*, 163(2), 857–866. <https://doi.org/10.1104/pp.113.223206>
4. Mankotia S, Jakhar P, Satbhai SB. HY5: a key regulator for light-mediated nutrient uptake and utilization by plants. New Phytol. 2024 Mar;241(5):1929-1935. doi: 10.1111/nph.19516. Epub 2024 Jan 5. PMID: 38178773.

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА СОРТООБРАЗЦОВ ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ

Власова А.А., Мухордова М.Е., Урман М.В.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Омский аграрный научный центр» (ФГБНУ «Омский АНЦ»), Омск 644012;
E-mail: aa.vlasova1912@omgau.org

Яровая мягкая пшеница является основной зерновой культурой в Западно-Сибирском регионе, занимая более 40% посевных площадей [1]. В связи с этим одной из ключевых задач современной селекции остается расширение генетического разнообразия и создание высокопродуктивных сортов, устойчивых к неблагоприятным факторам среды. Перспективным источником для улучшения генофонда яровой пшеницы служит генофонд озимой мягкой пшеницы, который отличается значительным разнообразием по толерантности к абиотическим стрессам, устойчивости к грибным заболеваниям и способности формировать зерно высокого качества. Практика подтверждает эффективность скрещивания яровых форм с озимыми для выделения ценных яровых биотипов, поскольку в гибридных популяциях от таких скрещиваний наблюдается широкий формообразовательный процесс [2, 3]. Однако традиционные методы селекции, требующие больших выборок и продолжительного периода выращивания для идентификации яровых и озимых генотипов в потомстве, ограничивают эффективность этой работы. В этой связи применение маркер-вспомогательной селекции (MAS) с использованием маркеров, связанных с целевыми локусами, позволяет значительно ускорить процесс создания новых форм [4].

Цель – провести идентификацию генов мягкой яровой и озимой пшеницы методом молекулярно-генетического анализа для последующей оценки селекционного материала.

Исследования выполнены в лаборатории молекулярно-генетических исследований ФГБНУ «Омский аграрный научный центр». Объектом исследования являются 9 сортообразцов мягкой яровой пшеницы, различающиеся между собой по ряду хозяйственно-ценных признаков и 2 сорта-тестера озимой мягкой пшеницы. Полимеразную цепную реакцию проводили с использованием праймеров для определения генов нейтральности к фотопериоду (Ppd-1), яровизации (Vrn), короткостебельности (Rht), устойчивости к бурой и стеблевой ржавчине (Lr и Sr) и качества зерна (Glu-1).

Проведены работы по SSR-генотипированию ранее не изученных образцов. В результате ДНК маркирования родительских форм мягкой яровой и озимой пшеницы идентифицированы их генотипы. Ген нейтральности к фотопериоду (Ppd D1a) выявлен у одного тестера. Анализ генов яровизации показал наличие четырёх различных гаплотипов у материнских форм, которые имеют доминантный аллель Vrn-A1a, рецессивный аллель vrn-D1, но варьируют по аллельному состоянию локуса Vrn-B1. Аллели генов короткостебельности Rht1 (Rht B1b) и Rht8 (Rht 8c) были обнаружены у трех образцов, ген Rht4 – у двух, ген Rht13 – у девяти, а ген Rht9 диагностирован во всем пуле сортообразцов. Скрининг исходных образцов обнаружил линии яровой мягкой пшеницы, несущие в своем генотипе аллели, которые обладают высоким качеством клейковины. Устойчивость к прорастанию, ассоциированная с аллелем Vp-1B, выявлена у исходной материнской формы и тестеров. Пять сортообразцов имеют в своем генотипе две ржано-пшеничные транслокации, контролирующие устойчивость к ржавчине. После генотипирования был получен новый гибридный материал яровой мягкой пшеницы (18 гибридов F₁, созданных по двутестерной схеме скрещивания), который будет проходить дальнейшую комплексную оценку для выделения перспективных сортообразцов.

Таким образом, исходный материал, включающий целевые гены может быть рекомендован в качестве доноров для использования в селекционных программах при создании нового сорта. В последующих поколениях рекомендуется отбор генотипов, сочетающих изученные хозяйственно-полезные признаки и высокий показатель продуктивности. Полученные нами результаты могут быть полезны при выборе доноров хозяйственно-ценных признаков среди изученных образцов как для мягкой, так и для озимой пшеницы и способствовать созданию новых сортов с высокой продуктивностью.

Список литературы:

1. Перспективный сорт пшеницы мягкой яровой Семеновна - результат международного сотрудничества / И. А. Белан, Е. Н. Федоренко, Л. П. Россеева и др. // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2023. Т. 24, № 1. С. 46-57. DOI 10.30766/2072-9081.2023.24.1.46-57.
2. Результаты использования озимых форм в селекции яровой мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) в Приморском крае / А. Г. Клыков, О. А. Тимошинова, П. М. Богдан и др. // Дальневосточный аграрный вестник. 2019. № 2(50). С. 31-38. DOI 10.24411/1999-6837-2019-12017.
3. Мухордова М. Е. Генетический анализ длины колоса в диаллельных скрещиваниях мягкой озимой пшеницы // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2018. № 1(159). С. 18-23.
4. Стасюк А. И., Леонова И. Н., Салина Е. А. Проявление хозяйственно важных признаков у яровых гибридов мягкой пшеницы, отобранных с помощью MAS-технологии при скрещивании озимых сортов с яровыми донорами устойчивости к бурой ржавчине // Сельскохозяйственная биология. 2017. Т. 52, № 3. С. 526-534. DOI 10.15389/agrobiology.2017.3.526rus.

НОВЫЙ СИНТЕТИЧЕСКИЙ ПРОМОТОР НА ОСНОВЕ ПРОМОТОРОВ ГЕВЕИН-ПОДОБНЫХ ГЕНОВ *SmAMP1* И *SmAMP2* ИЗ РАСТЕНИЯ *S. MEDIA* ДЛЯ ЭФФЕКТИВНОЙ ЭКСПРЕССИИ ТРАНСГЕНОВ

Ефремова Л.Н., Комахин Р.А.

*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва
127550; e-mail: efremova.larisa.nikolaevna@gmail.com*

В биотехнологии растений использование нативных промоторов генов с высокой степенью идентичности нуклеотидных последовательностей, но различающимися функциональными свойствами, открывает новый путь к созданию синтетических промоторов с заданными характеристиками для точного контроля экспрессии трансгенов.

Ранее нами было установлено, что короткие нуклеотидные последовательности промоторов генов гевеин-подобных пептидов *SmAMP1* и *SmAMP2* из растения *S. media* идентичны на 94 % [1]. Несмотря на высокую степень идентичности, они демонстрируют различающиеся функциональные свойства. Промотор pro-*SmAMP1* обеспечивает в бинарном векторе pCAMBIA1381Z достоверно более высокую экспрессию репортерного гена *uidA* в листьях агроинфильтрированных растений *Nicotiana benthamiana*. Промотор pro-*SmAMP2* в бинарном векторе pCAMBIA1300 достоверно более эффективен для селекции трансгенных клеток табака при контроле селективного гена *nptII* на питательных средах с антибиотиком канамицином.

Целью исследования стало изучение молекулярных основ этих функциональных различий и создание на их основе нового улучшенного синтетического промотора, сочетающего преимущества обоих нативных промоторов.

Первоначально для точного картирования сайтов начала транскрипции (TSS) выполнили CAGE-анализ (cap analysis of gene expression) для мРНК репортерного гена *uidA* у трансгенных растений табака, полученных с использованием бинарного вектора pCAMBIA1381Z [2]. Установлено, что для обоих промоторов характерна одинаковая структура единственного TSS, состоящего из последовательности нуклеотидов TCATCAT.

Это указывает на то, что различия в функциональной эффективности промоторов не связаны с разницей в инициации транскрипции.

Затем, методом делеционного анализа определили минимальные функциональные версии промоторов: pro-SmAMP1 (-102 п.н.) и pro-SmAMP2 (-104 п.н.); их нуклеотидные последовательности различались 7 точечными мутациями. Эти промоторы также различались 3 точечными мутациями в их 5'-нетранслируемых областях (5'-UTR), оставшихся от природных геwein-подобных генов. Методом создания химерных промоторов установили, что 5'-UTR гена *SmAMP1* оказывает положительное влияние на уровень экспрессии репортера, но лишь частично объясняет превосходство pro-SmAMP1 над pro-SmAMP2 при транзientной экспрессии.

Далее, для функциональной характеристики полиморфизмов в промоторных областях, методом направленного мутагенеза создали 9 новых синтетических вариантов промотора pro-SmAMP2 путем внесения в его последовательность одно-двунуклеотидных мутаций, существующих у pro-SmAMP1. Транзientная экспрессия в листьях *N. benthamiana* показала, что замена нуклеотидов СС на АТ в коровой области привела к достоверному повышению промоторной эффективности и к появлению в промоторе pro-SmAMP2 нового цис-действующего элемента АТСАТ, ассоциированного с активацией в ответ на гипоосмотический стресс, пролин и гидратацию после засухи [2].

На следующем этапе исследования показали, что отсутствие в промоторе pro-SmAMP2 последовательности известного цис-действующего негативного регулятора СААNNNNATС обеспечивает его более конститутивный паттерн, идеальный для отбора трансгенных растений на питательной среде с селективным агентом [2].

Наконец, создали новый синтетический промотор на основе последовательности pro-SmAMP2 с пятью мутациями и 5'-UTR из последовательности pro-SmAMP1. Этот вариант сочетал высокую эффективность как при транзientной экспрессии репортера, так и в отборе трансгенных клеток на питательной среде с селективным агентом [2]. Разработанный синтетический промотор может представлять собой уникальный инструмент для решения различных задач биотехнологии растений.

Работа выполнена при поддержке государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (FGUM-2025-0004).

Список литературы:

1. Маджарова Н.В., Казакова К.А., Стрельникова С.Р., Снычева О.А., Ветчинкина Е.М., Ефремова Л.Н., Высоцкий Д.А., Бабаков А.В., Комахин Р.А. Промоторы *pro-SmAMP1* и *pro-SmAMP2* из дикорастущего растения *Stellaria media* для биотехнологии двудольных растений // 2018. Физиология растений. Т.65, №5, с.388–400.
2. Efremova L.N., Strelnikova S.R., Gazizova G. R., Minkina E. A., Komakhin R. A. A synthetic strong and constitutive promoter derived from the *Stellaria media* pro-SmAMP1 and pro-SmAMP2 promoters for effective transgene expression in plants // 2020. Genes. Т. 11, №12, 1407.

ОЦЕНКА ПОТЕНЦИАЛА ВИРУСНЫХ ВЕКТОРОВ ДЛЯ VIGE САХАРНОЙ СВЕКЛЫ

Москалев Е.А.^{1,2}, Болотина А.А.², Груздев И.В.^{1,2}, Киров И.В.^{1,2}

**1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;**

E-mail: badsaxson@mail.ru

2 – МФТИ, Физтех, Долгопрудный 141701

Сахарная свёкла (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris* var. *saccharifera* Alef.) играет ключевую роль в мировом производстве сахара, в особенности в умеренных широтах. По разным оценкам от 16% до 20% от общего объёма производимого сахара приходится на сахар из сахарной свеклы. По данным ФАО в 2023 году этой культурой в мире была занята площадь 4,52 млн га, а валовый сбор составил 281,2 млн т при средней урожайности в 62 т/га (<http://faostat.fao.org/>). Россия является крупнейшим производителем сахарной свёклы, на ее долю приходится около 17% мирового производства. Однако, не смотря на высокий уровень производства, имеется существенная проблема по обеспечению внутреннего рынка отечественными семенами сахарной свеклы. Кроме того, генетический потенциал импортных гибридов на территории нашей страны реализуется не полностью ввиду природно-климатических особенностей. Ряд проблем свекловодства также связан с образом жизни сахарной свеклы, которая в норме обладает двулетним циклом развития, формируя в первый год вегетации корнеплод, который и является объектом интереса промышленности, а на второй год наступает генеративная фаза, во время которой формируются цветоносы и, затем, семена. Однако имеет место и преждевременное стрелкование и цветение в первый год вегетации (цветушность), которое приводит к значительному снижению урожайности, а также ухудшению химических и физических характеристик корнеплода.

Переход к однолетнему циклу развития обуславливается сложной генетической природой регуляции образа жизни свёклы (одно- или двулетний) на который существенное влияние оказывают агроэкологические факторы. Ключевыми факторами появления цветущих растений в посевах служат воздействие низких температур после всходов (возвратные заморозки), длинный световой день, генетические особенности и стрессовые воздействия в период вегетации. Поэтому создание сортов и гибридов сахарной свёклы с генетически детерминированным отсутствием цветения и плодоношения в первый год жизни является одной из главных задач, которую ставит производство перед генетиками и селекционерами.

Не смотря на сложный генетический механизм регуляции времени цветения сахарной свёклы (Kroupin et al., 2023), имеются исследования, демонстрирующие, что в основном однолетний тип развития растения свёклы связан с работой локусов, кодирующих псевдорегуляторный ген *BTC1* (Bolting Time Control 1) и белок *BvBBX19* (Double B-Box Type Zinc Finger). Их совместная экспрессия подавляет ген цветочного репрессора *FT1*, что приводит к индукции гена *FT2* и последующему цветению не зависимо от яровизации (Rodrigues et al., 2020). Двулетние генотипы свёклы несут рецессивные аллели генов *BTC1* и *BvBBX19*, которые не способны подавлять ингибирующую функцию гена *FT1*. Эти аллели, характеризующиеся частичной потерей генов своей функции, приводят к снижению чувствительности к фотопериоду, в результате чего для генеративного развития требуется воздействие низких температур (0..8°C), которое восстанавливает чувствительность к длинному дню и стимулирует развитие генеративных органов (Pin et al., 2012).

Особенности селекционного процесса сахарной свеклы, главным образом создание анизоплоидных (триплоидных) гибридов затрудняет одновременное введение в генотип гибрида рецессивных аллелей генов *BTC1* и *BvBBX19*. Это обстоятельство, в свою очередь, приводит к увеличению сроков создания гибридов и, соответственно, повышению

материальных затрат. Решением проблемы может стать доставка компонентов систем редактирования с помощью вирусов, или вирус-опосредованное геномное редактирование (VIGE). VIGE использует РНК вирусы как систему доставки и распространения по организму растения как самого фермента редактирования, так и его направляющую РНК (gРНК). Такой подход ускорит редактирование генома, и в результате могут быть получены растения с желаемыми и наследуемыми аллелями без трансгенеза.

В ходе исследования для подбора подходящего вектора для VIGE у сахарной свёклы было протестировано 3 вирусных вектора на основе вирусов TSWV (вирус пятнистого увядания томата), BaMV (вирус мозаики бамбука) и TRSV (вирус кольцевой пятнистости табака) на предмет заражения и системного распространения по растительным тканям (Liu et al., 2016; Huang et al., 2016; Yoshida et al., 2024). Причем векторы были использованы для заражения растений свеклы, как посредством агробактериальной трансформации, так и для заражения вирусными частицами, наработанными в растениях *Nicotiana benthamiana* *Domin*. Отдельные компоненты вирусного вектора TSWV детектировались в инфильтрированных тканях 42% растений. Вирусные векторы на основе BaMV и TRSV детектировались в месте инокуляции вирусными частицами в 25% и 100%, соответственно. Однако, как системного распространения, так и фенотипических проявлений заражения тем или иным вирусным вектором не было обнаружено.

Для проведения геномного редактирования, параллельно с тестированием вирулентности вирусных векторов, в конструкцию TSWV, содержащей последовательность гена эндонуклеазы Cas9, были клонированы четыре направляющие РНК (gRNA) нацеленные на ген фитоендесатуразы (*PDS*), нокаут которого приводит к фотообесцвечиванию листьев. В результате экспериментов по агроинфильтрации и инфильтрации вирусными частичками фенотипического проявления нокаута гена *PDS* на растениях свёклы не зафиксировано.

Список литературы:

1. Huang YingPing H. Y. P. et al. NbRABG3f, a member of Rab GTPase, is involved in Bamboo mosaic virus infection in *Nicotiana benthamiana*. – 2016.
2. Kroupin P. Y. et al. Root causes of flowering: two sides of bolting in sugar beet // *Agronomy*. – 2023. – Т. 13. – №. 11. – С. 2671.
3. Liu Q. et al. Engineered biocontainable RNA virus vectors for non-transgenic genome editing across crop species and genotypes // *Molecular Plant*. – 2023. – Т. 16. – №. 3. – С. 616-631.
4. Pin P. A. et al. The role of a pseudo-response regulator gene in life cycle adaptation and domestication of beet // *Current Biology*. – 2012. – Т. 22. – №. 12. – С. 1095-1101.
5. Rodrigues C. M. et al. Vernalization alters sugar beet (*Beta vulgaris*) sink and source identities and reverses phloem translocation from taproots to shoots // *bioRxiv*. – 2020. – С. 2020.01.28.922906.
6. The Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations [Электронный ресурс] // URL: <https://www.fao.org/faostat/ru/>
7. Yoshida T. et al. Heritable tissue-culture-free gene editing in *Nicotiana benthamiana* through viral delivery of SpCas9 and sgRNA // *Plant and Cell Physiology*. – 2024. – Т. 65. – №. 11. – С. 1743-1750.

ВЫЯВЛЕНИЕ КОЛЬЦЕВОЙ РНК ГЕНА ДЕМЕТИЛАЗЫ ГИСТОНОВ КУКУРУЗЫ

Смотровая Ю.Н.¹, Князев А.Н.¹, Разумова О.В.¹

**1 - Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,
Лаборатория прикладной геномики и частной селекции сельскохозяйственных растений – ВНИИСБ, 127550, Москва, ул. Тимирязевская, д.42.**

Кольцевые РНК (circRNA) представляют собой отдельный класс одноцепочечных, замкнутых молекул РНК, большинство которых образованы из молекул пре-мРНК. Исследовательский интерес к кольцевым РНК растений в значительной степени обусловлен их способностью регулировать экспрессию генов через множество различных молекулярных механизмов. Функции circRNA активно изучаются и для некоторых молекул эта способность уже подтверждена экспериментально [1].

Одним из возможных влияний кольцевых РНК на экспрессию генов может быть их взаимодействие с деметилазами, участвующих в удалении метильных групп с гистонов. В свою очередь уже известно участие генов деметилаз в критических стадиях роста и развития растения, таких как прорастание семян, цветение, формирование плодов, кроме того, показана их роль в формировании ответов на абиотические и биотические стрессы. Аналогично есть исследования, демонстрирующие участие кольцевых РНК в тех же процессах [2].

Основной целью исследования был комплексный анализ кольцевых РНК, образующихся с локусов генов деметилаз, в тканеспецифичном контексте на ранних этапах развития кукурузы. Кукуруза (*Zea mays* L.) - одна из важнейших зерновых культур. Несмотря на то, что данная культура очень хорошо изучена, о роли конкретных деметилаз в регуляции экспрессии ее генов известно сравнительно мало. При этом, выделено 19 генов, кодирующих белки гистондеметилаз (JHDM), и показано, что они дифференциально экспрессируются в разных тканях и реагируют на повышенную температуру, что указывает на их потенциальную роль в реакции на тепловой стресс. На ряду с этим у данной культуры обнаружено несколько тысяч различных circRNA, из которых экспрессия большинства оказалась высоко специфичной и зависела от генетического фона и условий абиотического стресса [3, 4, 5].

С помощью объединения биотехнологических, молекулярных и биоинформатических методов нам удалось показать наличие одного локуса гена деметилазы гистонов Zm00001d051961 у кукурузы, который транскрибирует кольцевую РНК в листьях и корнях проростков кукурузы. Более того, установлены альтернативные изоформы идентифицированной кольцевой РНК. Выявленная circRNA может участвовать в тонкой регуляции активности деметилазы за счет РНК-ДНК или РНК-белок взаимодействий. Поскольку метилирование/деметиление гистонов является ключевым механизмом адаптации растений к различным стрессам, связь между геном эпигенетического регулятора и образованием кольцевой РНК открывает новые возможности повышения устойчивости сельскохозяйственных культур к изменяющимся условиям окружающей среды.

Список литературы:

1. Liu R. et al. Identification, biogenesis, function, and mechanism of action of circular RNAs in plants. *Plant Communications*. 2023. 4: 100430.

2. Crevillén P. Histone demethylases as counterbalance to H3K27me3 silencing in plants. *Iscience*. 2020. 11: 101715.
3. Qian Y. et al. Genome-wide identification, classification and expression analysis of the JmjC domain-containing histone demethylase gene family in maize. *BMC genomics*. 2019. 20: 256.
4. Han Y. et al. Identification, characterization, and functional prediction of circular RNAs in maize. *Molecular Genetics and Genomics*. 2020. 259: 491-503.
5. Xu J. et al. Drought-induced circular RNAs in maize roots: Separating signal from noise. *Plant Physiology*. 2024. 196: 352-367.

ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ПРОМОТОРА ГЕНА ДЕФЕНЗИНА *Sm-D1* ИЗ РАСТЕНИЯ *STELLARIA MEDIA*

Трофимов А.С., Комахин Р.А.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной
биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550,

E-mail: recombination@iab.ac.ru

Антимикробные пептиды (АМП) – неотъемлемые компоненты врождённого иммунитета растений. Одно из семейств АМП – дефензины, пептиды длиной около 45 а.о. из которых 8 – это остатки цистеина, связанные дисульфидными мостиками (Kovaleva et al., 2020). Кроме защиты растений от фитопатогенов дефензины, обеспечивают устойчивость к тяжёлым металлам, регулируют работу ионных каналов и разрыв пыльцевых трубок (Azmi and Hussain, 2021). Экспрессия генов дефензинов хорошо изучена в интактных растениях, но структурная и функциональная организация их промоторов в настоящее время не ясна.

Ранее в семенах растения мокрица средняя (*Stellaria media*) обнаружили дефензин *Sm-D1*, проявляющий высокую антимикробную активность против фитопатогенных грибов и оомицетов (Slavokhotova et al. 2011). Первоначально экспрессию гена *Sm-D1* обнаружили только в цветках и проростках *S. media* (Slavokhotova et al. 2014). Ген *Sm-D1* успешно использовали для повышения устойчивости трансгенных растений банана и табака к различным фитопатогенам (Ghag et al. 2014; Хадеева и др. 2020).

В настоящем исследовании для уточнения данных повторно измерили уровень мРНК гена *Sm-D1* в листьях, стеблях, корнях и цветках *S. media*. Обнаружили экспрессию *Sm-D1* на высоком уровне в цветках и на низком уровне в листьях, стеблях и корнях (в сравнении с референсным геном *Актин* мокрицы). Некоторые различия в транскрипционных оценках паттерна гена *Sm-D1* в *S. media* могут быть обусловлены методами выполнения анализов.

Используя метод modified inverse PCR (Pogorelko and Fursova 2008) из генома *S. media* изолировали промотор гена *Sm-D1*. В результате получили две высокоиндентичные последовательности длиной около 800 п.н., из которых одна принадлежит гену *Sm-D1.2*, а вторая неизвестному гену. Данные последовательности аннотировали в GenBank под номерами PQ882509 и PQ882508.

Первоначально разнообразные 5'-делеционные варианты промотора гена *Sm-D1* поместили в интактный бинарный вектор pCambia2301, в котором они контролировали экспрессию репортерного гена *uidA*. Данными конструкциями трансформировали растения *Arabidopsis thaliana* и картофеля (*Solanum tuberosum*). Установили, что в трансгенных растениях активность продукта гена *uidA* – белкам GUS преобладала во всех изученных

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

вегетативных органах и составляла от 100 до 260% активности продуцируемой сильным вирусным промотором CaMV35S. Эти результаты не соответствовали нашим транскрипционным данным в *S. media*, в соответствии с которыми экспрессия *Sm-D1* преобладала в цветках. Кроме этого, в трансгенных растениях обнаружили альтернативный сплайсинг интрона из гена *uidA*, приводящий с высокой эффективностью к образованию двух альтернативных транскриптов, из которых один не пригоден для трансляции функционального белка GUS.

Известно, что вирусный промотор 2×CaMV35S, используемый в бинарных векторах pCAMBIA для управления селективным геном в области Т-ДНК, способен повышать эффективность расположенного рядом тестируемого растительного промотора (Ivanova and Komakhin 2024). Для оценки промотора гена *Sm-D1* независимо от вирусного промотора 2×CaMV35S в области Т-ДНК создали новые генетические конструкции.

Во-первых, создали генетические конструкции, в которых промоторы *Sm-D1* контролировали селективный ген *nptII*, придающий клеткам растений устойчивость к антибиотику канамицину. Эти конструкции не содержали других экспрессионных кассет в области Т-ДНК. В этих конструкциях промоторы *Sm-D1* слабо продуцировали мРНК гена *nptII* в вегетативных тканях табака (*Nicotiana tabacum*) и были достаточны для отбора трансформированных каллусов и побегов на питательной среде с канамицином с эффективностью в 2,6-3,3 раза ниже в сравнении с 2×CaMV35S.

Во-вторых, создали дополнительные генетические конструкции, в которых промоторы *Sm-D1* контролировали репортерный ген *uidA* без интрона и селективный ген *nptII* контролировался растительным промотором pro-SmAMP2. В этих конструкциях промоторы *Sm-D1* были способны продуцировать GUS на высоком уровне в пыльце у большинства трансгенных растений табака и на низком уровне в разнообразных вегетативных тканях примерно у 50% трансгенных образцов. В целом, в отсутствие последовательности вирусного энхансера 2×CaMV35S в области Т-ДНК бинарного вектора, паттерн экспрессии *uidA* под контролем промоторов *Sm-D1* в трансгенных растениях хорошо согласуется с экспрессией гена *Sm-D1* в растении *S. media*.

Таким образом, промотор гена *Sm-D1* в оригинальном бинарном векторе pCAMBIA целесообразно применять для продукции рекомбинантных белков в вегетативных тканях растений на более высоком уровне. В конструкциях без энхансера 2×CaMV35S паттерн экспрессии *uidA* в трансгенных растениях согласуется с экспрессией *Sm-D1* в растении *S. media*.

Список литературы:

1. Azmi S., Hussain M.K. Analysis of structures, functions, and transgenic of phytopeptides defensin and thionin: a review. 2021. 10:5.
2. Ghag S.B., Shekhawat U.K.S., Ganapathi T.R. Transgenic banana plants expressing a *Stellaria media* defensin gene (Sm-AMP-D1) demonstrate improved resistance to *Fusarium oxysporum*. 2014. 119:247–255.
3. Ivanova L.A., Komakhin R.A. Efficiency of the alpha-hairpinin SmAMP-X gene promoter from *Stellaria media* plant depends on selection of transgenic approach. 2024. 33:1–19.
4. Khadeeva N.V., Yakovleva E.Yu., Korostyleva T.V. et al. Comparative characteristics of transgenic tobacco plants carrying heterologous protective plant genes of different origins. 2020. 56(3):302–312.
5. Kovaleva V., Bukhteeva I., Kit O.Y., Nesmelova I.V. Plant defensins from a structural perspective. 2020. 21(15):5307.
6. Pogorelko G.V., Fursova O.V. A highly efficient miPCR method for isolating FSTs from transgenic *Arabidopsis thaliana* plants. 2008. 87(2):133–140.

7. Slavokhotova A.A., Odintsova T.I., Rogozhin E.A., Musolyamov A.K., Andreev Y.A., Grishin E.V., Egorov T.A. Isolation, molecular cloning and antimicrobial activity of novel defensins from common chickweed (*Stellaria media* L.) seeds. 2011. 93(3):450–456.
8. Slavokhotova A.A., Rogozhin E.A., Musolyamov A.K. et al. Novel antifungal α -hairpinin peptide from *Stellaria media* seeds: structure, biosynthesis, gene structure and evolution. 2014. 84:189–202.

РАСПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ АДАПТИВНОСТИ И ПРОДУКТИВНОСТИ У ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В КОЛЛЕКЦИИ КАСИБ

Черноок А. Г.¹, Хуртова К. И.¹, Моргунов А. И.¹, Шаманин В. П.²,
Наждодов Б. Б.¹, Дивашук М. Г.¹

*1-ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии" (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва, ул.
Тимирязевская, 42, Россия, 127550 E-mail: Irbis-sibir1@yandex.ru*

*2-Омский государственный аграрный университет им. П.А. Столыпина
(Омский ГАУ), Омск, Институтская площадь, 1, Россия, 644008*

Яровая мягкая пшеница сохраняет статус одной из важнейших сельскохозяйственных культур в мировом масштабе, что объясняется её высокой пищевой ценностью и универсальностью использования. Однако, согласно информации Продовольственной и сельскохозяйственной организации Объединенных Наций (ФАО), в течение последних двух лет наблюдается сокращение глобальных площадей, отводимых под посевы яровой пшеницы. Данная тенденция, вероятно, связана с возрастающими климатическими рисками и нестабильностью экономических условий. К числу ключевых регионов, где традиционно возделывается яровая мягкая пшеница, относятся Сибирь, Урал, Поволжье и центральная часть России.

В современных условиях селекционная работа, нацеленная на повышение продуктивности и адаптивности, представляет собой комплексную стратегию, призванную обеспечить не только стабильно высокие урожаи, но и устойчивость растений к воздействию негативных факторов внешней среды. На сегодняшний день идентифицирован ряд фундаментальных генов, определяющих эти хозяйственно-ценные признаки. Среди них — гены, контролирующие продолжительность вегетационного периода (*Vrn*, *Ppd*), влияющие на архитектуру растения, его габитус (семейство генов *Rht*), а также обеспечивающие устойчивость к болезням (пшенично-ржаные транслокации 1BL.1RS и 1AL.1RS, а также гены *Lr* и др.).

Цель настоящего исследования заключается в идентификации специфических аллельных комбинаций генов, которые обуславливают формирование высокой продуктивности и адаптивности у яровой мягкой пшеницы в различных почвенно-климатических зонах Сибири и Урала. В качестве объекта исследования использовалась коллекция сортов и линий мягкой яровой пшеницы из Казахстанско-Сибирской сети (КАСИБ), включающая 96 образцов, отражающих современное состояние селекции яровой мягкой пшеницы в России и Казахстане. Все образцы были выращены в параллельных полевых испытаниях на базе четырех научных учреждений, расположенных в Челябинске, Кургане, Тюмени и Омске. Молекулярно-генетический анализ растительного материала проводится в лаборатории ФГБНУ-ВНИИСБ, полевые оценки и детальный анализ ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

структуры урожая осуществляются сотрудниками каждой из четырех организаций в соответствии с единым, заранее согласованным методическим протоколом. На первом этапе работы для генотипирования были отобраны молекулярные маркеры, диагностирующие следующие признаки: скорость и сроки развития (*Vrn-A1*), чувствительность к фотопериоду (*Ppd-A1*, *Ppd-D1*), высоту растения (*Rht1*, *Rht2*), устойчивость к засухе (*DRO-5A*) и устойчивость к предуборочному прорастанию зерна (*VP-1B*).

Проведенное генотипирование позволило установить следующую аллельную структуру в исследуемой коллекции КАСИБ: 100% проанализированных образцов несут аллели *Rht-B1a* и *Rht-D1a*, что указывает на отсутствие у них известных генов короткостебельности *Rht1* и *Rht2*. Лишь 1% образцов обладает аллелем фотопериодической нечувствительности *Ppd-A1a*, тогда как подавляющее большинство (99%) являются чувствительными (аллель *Ppd-A1b*). Практически все образцы, за исключением одного, также являются фотопериодически чувствительными и несут аллель *Ppd-D1b*. В коллекции 40% образцов имеют аллель, ассоциированный с мелкозалегающей корневой системой, а 29% — аллель, связанный с глубоким залеганием корней. Аллель устойчивости к прорастанию на корню *VP-1Bc* был обнаружен лишь у 8% образцов коллекции. В качестве следующего этапа работы запланировано продолжение генотипирования коллекции по другим генам, связанным с адаптивностью и продуктивностью, а также поиск ассоциаций генотип-среда. Это позволит оценить эффект конкретных аллельных вариантов для каждой отдельной зоны возделывания и определить наиболее перспективные аллельные комбинации для целей направленной селекции. Исследование выполняется при финансовой поддержке Российского научного фонда в рамках гранта № 25-64-00021 (<https://rscf.ru/project/25-64-00021/>).

Список литературы:

1. Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database URL: <https://www.fao.org/faostat/ru/#data/QCL/visualize>
2. Киселёва А.А., Стасюк А.И., Леонова И.Н., Салина Е.А. Картирование локусов и генов, определяющих время колошения и созревания яровой мягкой пшеницы в условиях длинного дня, и оценка их влияния на урожайность. 2025. 29(6). 769-778.

АНАЛИЗ КОПИЙНОСТИ РЕТРОТРАНСПОЗОНА *ONSEN* В ПОПУЛЯЦИИ *A. THALIANA* ПОСЛЕ ПРИМЕНЕНИЯ КОМБИНИРОВАННОГО СТРЕССА

Ялтанская А.В.^{2,3}, Серганова М.А.^{1,2}, Меркулов П.Ю.^{1,2}, Киров И.В.^{1,2}

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии»,
Москва, Россия

²Московский физико-технический институт, Долгопрудный, Россия

³Российский государственный аграрный университет МСХА имени К. А. Тимирязева

Будучи важными факторами эволюции и генетической изменчивости растений [1], ретротранспозоны представляют собой основу для инсерционного мутагенеза [2]. Было показано, что наследуемой транспозиции ретротранспозонов можно достичь, применяя комбинацию стрессовых условий и ингибирования систем сайленсинга [3]. Модельным объектом для изучения таких механизмов служат элементы *ONSEN* у *Arabidopsis thaliana*, активирующиеся при тепловом стрессе.

В данном исследовании, была использована популяция растений М1, полученная в результате воздействия повышенной температуры (37 °С) совместно с ингибиторами систем сайленсинга ретротранспозонов (зебуларин и альфа-аманитин). Основной задачей данной работы была количественная оценка копий *ONSEN* в геноме растений поколения М1 методом qPCR [4]. Результаты анализа подтвердили наличие высококопийных растений, у которых количество копий *ONSEN* увеличено в 3 и более раза по сравнению с контролем (Col-0). Вместе с этим наблюдались значительные различия копийности *ONSEN* как внутри, так и между потомствами индивидуальных растений М0, что является ожидаемым следствием случайного характера транспозиции в клетках-предшественниках генеративных клеток.

В результате работы была создана коллекция семян высококопийных растений М1, которая представляет собой ценный ресурс для последующих исследований в области функциональной геномики и изучения роли транспозонов в адаптации к абиотическому стрессу.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-74-10055.

Литература

1. Galindo-González L., Mhiri C., Deyholos M. K. LTR-retrotransposons in plants: Engines of evolution // *Gene*. 2017. V. 626. P. 14-25.
2. Anna Małolepszy et al. The LORE1 insertion mutant resource // *The Plant Journal*. – 2016. – Т. 88, №2.
3. Thieme M. et al. Inhibition of RNA polymerase II allows controlled mobilisation of retrotransposons for plant breeding // *Genome Biology*. – 2017. – Т. 18. – №. 1. – С. 1-10.
4. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method // *Methods*. – 2001. – V. 25(4). – P. 402–408.

МЕТААНАЛИЗ ДНК-МАРКЕРОВ В КОЗОВОДСТВЕ ПО ИСТОЧНИКАМ В ОТКРЫТОМ ДОСТУПЕ: НАЧАЛЬНЫЕ ШАГИ

М.А. Владимиров, Т.Е. Денискова

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста), пос. Дубровицы, д. 60, г. о. Подольск, Московская область, Российская Федерация, 142132, e-mail: maksim-taranov@rambler.ru

Козоводство – одна из важнейших, в частности в развивающихся странах, отраслей сельскохозяйственного животноводства. Оно обеспечивает их продовольственную безопасность, поставляет на рынки диетическое мясо и молоко, шерсть и высококачественную кожу. В России козоводство также распространено, в особенности в южных районах страны, где козы в особенности ценны для малых хозяйств, и разводятся на мясо, молоко, шерсть, будучи при этом адаптивными к суровым условиям и не требуя столь же активного ухода, как некоторые иные виды.

Несмотря на это, количество научных исследований по козам традиционно остается крайне низким: на октябрь 2025 года международная онлайн-библиотека PubMed, к примеру, вмещает в себя 1445 исследований по козам, что на 89.5% меньше количества исследований по овцам, на 94.7% - по свиньям, на 99.1% - по курицам, на 99.7% - по коровам. Рынок и разработки в данной отрасли все еще в зачаточном состоянии, в том числе из-за преимущественно “второстепенной” роли этих животных для развитых стран или регионов, направляющих финансирование.

Целью нашей работы является систематический сбор последних достижений в исследованиях генетических маркеров коз, в особенности SNP, анализ их расположения и последних тенденций в геномных исследованиях в козоводстве для дальнейшего практического использования данных в маркерной селекции.

В качестве источников данных для таковых используются иностранные и отечественные научные исследования в открытом доступе, раскрывающие вопросы использования маркеров в козоводстве и животноводстве в целом, в особенности материалы аналитического характера, включающие как GWAS-исследования, так и работы по отдельным генам, SNP, CNV и QTL.

В ходе изучения включенных на данный момент в работу исследований было обнаружено 1656 уникальных сочетаний маркер-признак, включая 659 сочетаний для сборки ARS1 и 997 сочетаний для сборки ARS1.2.

В ходе анализа источников маркеры первоначально разделялись на те, что изучались на геномной сборке ARS1 и те, что изучались на сборке ARS1.2, так как на различных сборках их позиции могут отличаться, однако в ходе статистической обработки данные были объединены ввиду незначительности отличий. Признаки были поделены на следующие категории: молочная продуктивность (процентное и количественное содержание веществ или соматических клеток в молоке, удой, pH), экстерьер (основные промеры, живая масса), а также прочее, включившее репродуктивные признаки (характеристики спермы и приплода), признаки здоровья (состояние конечностей, наличие дополнительных сосков, общий вид) и окраску.

Наиболее широко влияющими на признаки категории “Экстерьер” и потенциально влияющие на мясную продуктивность животных, были локусы, расположенные в генах PTPN1, LOC108637375, LOC108637376, FAM65C, ODAM, LOC106502214, LOC102178810, LOC102169846, CSN2, CSN1S1, CSN1S2, SULT1B1, LOC102178524, LAGE3, SPTB, RAB15, MAX, LOC108636958, LOC102189488, GPX2, CHURC1 и прочие. Наибольшее количество ассоциаций с признаками экстерьера имеют первые 4 гена, из которых, что примечательно, 2 не имеют утвержденных аббревиатур и обозначены как “LOC...”. Наиболее широко влияющими на признаки категории “Молочная продуктивность” были локусы, расположенные в генах ODAM, LOC106502214, LOC102178810, LOC102169846, CSN2, CSN1S1, CSN1S2. Локусов, влияющих на большое количество признаков из объединенной категории “Прочее”, в ходе исследования к данному моменту обнаружено не было.

При пространственной кластеризации, примененной с параметром расстояния не более 50 тыс. оснований на объединенных данных двух сборок, было получено несколько выраженных кластеров: 9:26320586 – 9:26429095 (38 SNP, 38 ассоциаций с экстерьерными признаками), 6:85777912 – 6:86093378 (31 SNP, 128 ассоциаций с признаками экстерьера и молочной продуктивности), 12:83453073 – 12:83506826 (26 SNP, 37 ассоциаций с экстерьерными признаками), 16:13034431 – 16:13047452 (24 SNP, 24 ассоциации с экстерьерными признаками), 24:29451822 – 24:29479393 (21 SNP, 21 ассоциация с экстерьерными признаками) и прочие, с меньшим количеством вошедших в них SNP.

При пространственной кластеризации, примененной с параметром расстояния не более 200 тыс. оснований, был получен 1 более крупный кластер: 6:85723625 – 6:86490735 (47 SNP, 166 ассоциаций с признаками экстерьера и молочной продуктивности). Остальные же наиболее выраженные кластеры сохранили свое расположение и характеристики.

Работа над исследованием все еще ведется, но уже были получены ценные промежуточные данные, в частности определяющие плотные кластеры SNP, которые в дальнейшем будут приняты во внимание при проведении GWAS – созданный пул будет валидирован на новой популяции коз, создаваемой в ПЗ “Ладожский”, и при положительных результатах его элементы могут быть предложены в качестве ДНК-маркеров для дальнейшей селекции. Также интерес представляют указанные выше гены с аббревиатурой LOC..., по которым наличествует малое количество исследований, но которые, исходя из имеющихся к данному моменту результатов на основе изученных работ, имеют широкое влияние на продуктивные признаки.

Современные методы селекции

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГИБРИДОВ ТОПОЛЯ БЕЛОГО И ОСИНЫ (*POPULUS ALBA* × *P. TREMULA*) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP- ПРОФИЛИРОВАНИЯ

Гладыш Н.С.¹, Краснов Г.С.¹, Попченко М.И.², Кудрявцева А.В.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, Россия;

²Институт географии РАН, Москва, Россия.

natalyagladish@gmail.com

Тополь белый (*Populus alba* L.) – вид древесных растений, широко распространенный на территории России и представляющий интерес в лесотехнической деятельности. В нашей стране произрастает также межвидовой гибрид тополя белого и осины (*P. tremula* L.), называемый тополем сереющим (*P. × canescens* (Aiton) Sm.). Идентификация гибридов затруднительна в связи с отсутствием характерных морфологических признаков. Морфологическая идентификация осложняется наличием полиплоидии и возвратных скрещиваний. Решением этой проблемы может послужить секвенирование генома тополя с низким покрытием, позволяющее охватить большое количество однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), благодаря идентификации которых можно оценить видовую принадлежность растения с высокой степенью достоверности.

В данной работе выполнено полногеномное секвенирование 5 образцов потенциальных гибридов *P. alba* × *P. tremula* на платформе Illumina (США). Далее проведено картирование (BWA-MEM) полученных данных WGS и симулированных прочтений из сборок белого тополя, осины и их гибридов (NCBI:GCF_005239225, GWH:GWHAAPER00000000, PlantGenIE:Potra_w52 и др.), полученных при помощи wgsim. В качестве референса также выступал геном белого тополя (GCF_005239225). Поиск SNP осуществлялся freeBayes только в области экзонов генов (с целью сокращения числа SNP и времени анализа). Были выделены замены, характерные для осины (встречающихся в виде гомозиготы в референсном геноме осины и в виде гетерозиготы в референсных геномах гибридов). Далее для этих замен для различных образцов была оценена доля прочтений, содержащих замену. В результате анализа четыре образца были классифицированы как триплоидные гибриды *P. alba* × *P. tremula* (в соотношении 2:1) и один образец – как триплоидный гибрид *P. alba* × *P. tremula* (в соотношении 1:2). Эти образцы выделялись в отдельный кластер на дендрограммах генетической близости (построенных методами UPGMA и NJ на основе профилей SNP) при совместном анализе с 50 образцами белого тополя, произрастающего в России.

Один из образцов, включенных в анализ, по морфологическим критериям ранее был идентифицирован как гибрид, однако не обладает SNP-профилем, присущим гибридам белого тополя и осины. Этот результат демонстрирует недостаточную информативность, и подчас размытость, морфологических критериев определения гибридов. Тем самым становится очевидна необходимость проведения дополнительных генетических исследований для определения видовой принадлежности интересующих деревьев, по фенотипу соответствующих белым тополям.

ВЛИЯНИЕ АБИОТИЧЕСКИХ УСЛОВИЙ СРЕДЫ И ИММУНОИНДУЦИРУЮЩИХ ОБРАБОТОК НА ЗАЩИТНЫЕ РЕАКЦИИ ВИНОГРАДА ПРОТИВ ФИТОПАТОГЕНОВ

Баранов М.О., Луцкий Е.О., Сундырева М.А.*

**ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства,
виноградарства, виноделия» (ФГБНУ СКФНЦСВВ), г. Краснодар, 350901;**

E-mail: *mari.sundy@bk.ru

Зона виноградарства России характеризуется умеренно континентальным климатом с тенденцией к увеличению частоты метеострессовых явлений в летний и зимний период. Изменение климата влечет за собой дальнейшее повышение температуры, изменение характера осадков и частоты экстремальных погодных явлений (IPCC. Climate Change 2022), что, в свою очередь, существенно влияет на распространение, вирулентность, численность и круг хозяев фитопатогенов [1-4]. Прикрепленный образ жизни растений диктует необходимость реакции на множество внешних абиотических и биотических воздействий. Различные пути передачи сигналов о стрессе связаны между собой, обеспечивая регуляторный потенциал для обеспечения максимально возможного уровня приспособленности [5]. При этом затраты энергетических и пластических ресурсов растений на адаптационные процессы достаточно велики, что приводит к необходимости «расстановки приоритетов» в ответных реакциях на абиотические и биотические воздействия [6], что выражается в большей устойчивости к тому или иному фактору. Регуляцию сложных ответных реакций на множественные стрессы осуществляют фитогормоны, среди которых в последнее время все больший интерес представляют жасмонаты [7]. Сложные комбинации действующих на растения внешних условий делают актуальными исследования формирования защитных реакций против фитопатогенов при различных абиотических условиях, а также поиск иммуноиндуцирующих агентов управления адаптивным потенциалом винограда.

Целью работы было исследование иммунных реакций винограда при различных комбинациях абиотических стрессовых факторов и обработке метилжасмонатом. Работа проведена в контролируемых условиях. На фоне моделируемого высокотемпературного стресса, засухи и их комбинации, обработки метилжасмонатом было проведено заражение растений винограда возбудителем милдью *Plasmopara viticola*.

Адаптация к абиотическим воздействиям обеспечивалась деградацией крахмала и увеличением содержания растворимых углеводов, высокой пероксидазной активностью и повышением содержания фенольных соединений. Комбинированное действие засухи и высокой температуры приводило к возрастанию окислительных процессов у винограда, связанного с ингибированием пероксидазной активности. Комбинированное действие засухи и высокой температуры снижало расщепление крахмала, что также обеспечивало рост окислительных процессов и большее повреждение тканей. Сортные особенности определяли устойчивость к разным стрессовым факторам. Экспрессия генов «иммунного ответа» PR2, PR3, STS согласована с преобладающей устойчивостью сорта винограда к засухе или высокой температуре. При комбинировании засухи и высокой температуры уровень экспрессии данных генов снижался относительно воздействия отдельных стрессов, и возрастала экспрессия генов NCED и MYC2. В условиях высоких температур и засухи защитные реакции против фитопатогенов активно функционируют, а комбинированное действие двух факторов снижает уровень «иммунной» защиты сортов винограда. Развитие патогенов характеризовало иммуностимулирующий эффект метилжасмоната. В контрольном варианте развитие милдью составляло $64,3 \pm 4,5\%$ площади листа, а при обработке метилжасмонатом – $41,1 \pm 6,2\%$. Метилжасмонат при экзогенном нанесении на

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

листья винограда обладает способностью стабилизировать пигментный и мембранный комплексы в условиях абиотических стрессов, а при воздействии биотического снижал развитие патогена и интенсивность окислительных процессов.

1. Iriti M., Vitalin S. Sustainable Crop Protection, Global Climate Change, Food Security and Safety-Plant Immunity at the Crossroads. *Vaccines*. 2020. V. 8. P. 42.
2. Shahzad A., Ullah S., Dar A. A. Nexus on climate change: agriculture and possible solution to cope future climate change stresses. *Environ Sci Pollut Res*. 2021. V. 28. Pp. 14211-14232.
3. Юрченко Е. Г. Фитосанитарное состояние виноградников: проблемы и решения. *Защита и карантин растений*. 2021. № 10. С. 3-9.
4. Талаш А. И., Трошин Л. П. Современное фитосанитарное состояние виноградников России. *Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета*. 2012. № 80. С. 324-333.
5. Atkinson N.J., Urwin P.E. The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field // *Journal of Experimental Botany*. 2012. Vol. 63(10). P.3523–3543.
6. Berens M. L., Wolinska K. W., Spaepen S., Ziegler J., Nobori T., Nair A., Krüler V., Winkelmüller T. M., Wang Y., Mine A., Becker D., Garrido-Oter R., Schulze Lefert P., Tsuda K. Balancing trade-offs between biotic and abiotic stress responses through leaf age-dependent variation in stress hormone cross-talk. *PNAS*. 2019. № 116 (6). P. 2364-2373.
7. Пиголев А. В., Дегтярёв Е. А. Мирошниченко Д. Н., Савченко Т. В. Перспективы применения жасмонатов, салицилатов и абсцизовой кислоты в сельском хозяйстве для повышения стрессоустойчивости растений (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2023. Т. 58. № 1. С. 3-22.

ОЦЕНКА МОРФОГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА ГЕНОТИПОВ КУКУРУЗЫ ДЛЯ ПОСЛЕДУЮЩЕГО ГЕНОМНОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНА *GBSS*

Дмитриева А.Р.^{1*}, Симоненко Д.С.^{1,2}, Ефремова Л.Н.¹, Князев А.Н.¹,
Семенова Д.А.¹, Блинков А.О.¹, Дивашук М.Г.¹

¹ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва, 127550;

²Кубанский государственный аграрный университет имени И.Т. Трубилина,
Краснодар, 350044

E-mail: Anna.Dmitrieva-8@yandex.ru

Ген *GRANULE-BOUND STARCH SYNTHASE (GBSS)*, кодирующий фермент гранул-связанную крахмалсинтазу, является одним из самых значимых генов пути биосинтеза крахмала у растений. Фермент гранул-связанная крахмалсинтаза состоит из двух изоформ: *GBSSI*, которая функционирует в основном в запасаемых тканях (эндосперм, клубни и др.), и *GBSSII*, которая играет роль в не запасующих тканях растений (стебли, листья и др.), для временного накопления крахмала. Появление мутаций в гене *GBSS* приводит к изменению свойств крахмала за счет сдвига в нем соотношения количества линейных (амилоза) и разветвленных (амилопектин) полисахаридов в пользу последних. Формы кукурузы с таким генотипом формируют зерновки, крахмал которых почти полностью состоит из амилопектина. Такие генотипы получили название восковидная или ваху кукуруза. Воскообразный крахмал при приготовлении становится липким, образует пасты с более высокой вязкостью и меньшей жесткостью, чем обычный крахмал. Эти улучшенные свойства крахмала имеют важное значение при использовании в пищевой, текстильной,

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

клеевой и бумажной промышленности. Так как естественное появление мутаций способных нокаутировать работу данного гена в природе достаточно редко, для создания новых аллельных вариантов гена *GBSS* активно применяется метод геномного редактирования [1].

Целью данной работы была оценка морфогенетического потенциала линий кукурузы в условия культуры *in vitro* для последующего геномного редактирования гена *GBSSI*.

Материалом для исследования послужили инбредные линии кукурузы A14, 975-5х, РСР и гибриды F1 Мармеладка и Золотой початок 147МВ. Растения выращивали в условиях спидбридинга [2]. В качестве эксплантов использовали незрелые зародыши, изолированные из зерновок, сформировавшихся на 10-12 день после опыления. В работе было оценено три типа поверхностной стерилизации початков: 1. Протирание листьев- оберток 96% спиртом с последующим их удалением в условиях ламинарного бокса; 2. Поверхностная стерилизация початка в 96% этиловом спирте в течение 2 минут; 3. Обработка початков 50% раствором коммерческого средства Белизна в течение 30 минут. Оценку регенерационной способности проводили путем подсчета частоты каллусообразования, регенерации и среднего количество побегов на эксплант. Трансформацию проводили согласно ранее описанному протоколу [3] с использованием агробактерии (*Agrobacterium tumefaciens*), штамм GV3101. В качестве вектора для геномного редактирования была выбрана плаزمида pRGEB32-BAR и подобрана гидовая РНК на один из ключевых генов Zm00001eb378140, кодирующих фермент гранул-связанную крахмалсинтазу.

В результате работы была отобрана инбредная линия A14 с наибольшим морфогенетическим потенциалом. У данной линии наблюдалась 100% частота формирования каллуса, среди которого к дальнейшей регенерации побегов были способны 52%. В среднем, регенерирующий каллус формировал 12 побегов на каллус. Среди протестированных подходов стерилизации початков наибольшую эффективность продемонстрировало протирание листьев-оберток 96% спиртом с последующим удалением их в условиях ламинарного бокса. При использовании данного подхода не наблюдалось контаминации бактерией или грибами, более того, он был удобен в связи с небольшим количеством затрачиваемого времени.

В процессе работ по трансформации была определена оптимальная оптическая плотность агробактерии для трансформации, составляющая 0,4 при длине волны 600 нм. Идеальным антибиотиком, способным подавить агробактерию без сильного ингибирования формирования каллуса и регенерации побегов оказалась комбинация из карбеницилина и цефотаксима в концентрации 250 и 100 мг/л соответственно, использование антибиотика амоксилав и тиментин в любых комбинациях оказалось крайне неэффективным. Зародыши, после проведения агробактериальной трансформации находились в течение 52 суток на этапе формирования каллуса. Регенерация побегов проходила в течение двух недель в условиях световой комнаты. В настоящее время растения находятся на этапе укоренения.

Данная работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Федеральная научно-техническая программа развития генетических технологий на 2019-2030 годы, соглашение № 075-15-2025-528 от 29 мая 2025 года).

Список литературы:

1. 1. Chen J., Hawkins E., Seung D. Towards targeted starch modification in plants //Current Opinion in Plant Biology. – 2021. – Т. 60. – С. 10213.
2. 2. Климатические камеры ускоренного развития растений (Speed breeding): как

- получить 4 поколения кукурузы (*Zea mays* L.) за год / А. Р. Дмитриева, Д. С. Симоненко, А. О. Блинков [и др.] // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии XXIV : Материалы XXIV конференции молодых ученых с международным участием, Москва, 23–27 сентября 2024 года. – Москва: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», 2024. – С. 22-23. – DOI 10.48397/v8583-0923-8451-e.
3. 3. Ishida Y., Hiei Y., Komari T. Agrobacterium-mediated transformation of maize //Nature protocols. – 2007. – Т. 2. – №. 7. – С. 1614-1621.

Генотип	Частота каллусообразования, %	Частота регенерации, %	Среднее количество побегов на эксплант
Линия РСР	88%± 0,1	38%± 0,2	1,04± 0,06
975-5х	80%± 0,1	27%± 0,2	1,28± 0,3
Гибрид Мармеладка	100% ± 0,0	20%± 0,08	0,30± 0,2
Гибрид Золотой початок 147МВ	100% ± 0,0	30%± 0,2	1,41± 0,36
Линия Гаплопродюсер	100% ± 0,0	52%± 0,2	11,75± 6,5

ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ СОДЕРЖАНИЯ СЫРОГО ПРОТЕИНА В ЗЕРНОВКАХ ГЛАВНОЙ МЕТЁЛКИ ПЛЁНЧАТОГО ОВСА

Бизин А.И., Вервейн С.С.

Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Северного Зауралья — филиал ФГБУН «Тюменский научный центр» СО РАН (625501, Тюменская обл., Тюменский р-н, пос. Московский, ул. Бурлаки, 2), e-mail: bixela@mail.ru

Актуальность.

Среди зерновых культур овес особым строением метёлки, которая характеризуется не только рыхлостью и парусностью, но и отличающимися друг от друга биохимическими свойствами зерновок. Существует устойчивое мнение о разнокачественности семян в пределах метёлки – мелкое зерно имеет пониженное содержание протеина - ключевого показателя питательной ценности культуры. В технологической практике это приводит к необходимости фракционного зерновой массы, поскольку доля мелкого зерна в партии может достигать 20% и с учётом плёнатости овса, товарная часть (ядра овса) может уменьшаться практически наполовину. Это приводит не только к большому объёму отходов, но и существенно увеличивает себестоимость товара.

Целью исследований было изучение вариативности содержания сырого протеина в зерновках главной метёлки плёнатого овса.

Материалы и методы.

После исследований морфометрических показателей и структуры урожая коллекции культурных видов овса в состав которой входит более 700 генотипов была составлена усредненная модель сорта плёнчатого овса [1]. на основании которой был выбран сорт Серебристый. В опыте исследовали главную метёлку, в которой были выделены 37 колосков и 78 зерновок, находящихся в них. Счёт колосков вели от вершины метелки. Наличие в лаборатории геномных исследований в растениеводстве анализатора азота UDK 159 позволило индивидуально определить содержание сырого протеина в зерновках. Для этого зерновки подвергались ручной очистке от цветочных чешуй с последующим взвешиванием оболочки и ядра с точностью до 0,1 мг. Далее каждое ядро измельчали на штоковом плющителе зерна. После объединения в одну пробу зерновок из колоска вновь проводили взвешивание и подвергали мокрому озолению смесью концентрированной серной кислоты. В качестве катализатора использовали сульфаты меди и натрия. Определение протеина было проведено на анализаторе азота UDK 159 методом Кьельдаля, согласно протоколу, разработанного производителем прибора Velp Scientifica. Пересчет общего азота на сырой протеин проводили умножением на коэффициент 6,25.

Результаты.

Анализ структуры урожая, проводимый по 10 растениям, показал, что количество зёрен в главной метелке сорта Серебристый варьировало в диапазоне от 75 до 90 шт. при среднем значении 81 шт. Несмотря на широкий диапазон, вариабельность озёрнённости была низкой - коэффициент вариации не превышал 10%. Модельный сорт соответствовал среднезёрному типу с массой 1000 зерен $35,36 \pm 3,00$ грамм. В анализируемой метёлке было 78 зёрен, которые были собраны в 38 колосков. Средняя масса зерновки составила 28 мг при широком диапазоне варьирования – от 13 до 40 мг. Коэффициент вариации (26%) показал значительную степень неоднородности массы зерновок в пределах одной метёлки. Характер распределения зерновок с разной массой по метелке хаотичный – связь между ярусностью и массой слабая ($r = -0,32$).

Среднее содержание сырого протеина в метёлке сорта Серебристый было равным 18,0% при стандартном отклонении 0,7%. Значения находились в пределах от 16,5 до 19,3%, что при коэффициенте вариации 4,3% указывало на однородность зерновок по содержанию сырого протеина. В группу с содержанием сырого протеина менее 17,0% вошли зерновки из 1, 2, 12 и 22 колосков, что составляет 14 % от общего количества. Во второй группе (17,1-18,0%) были зерновки из 15 колосков изучаемой метелки. Зерно из этой группы распределялось равномерно по метёлке – с 3 по 30 колосок. В третьей группе, где диапазон содержания сырого протеина варьировал от 18,1 до 19,0% были сосредоточены зерновки из 14 колосков, которые были преимущественно расположены в середине и нижней части метелки (с 13 по 37 колосок). Группа с максимальным содержанием сырого протеина (>19,0%) была малочисленной – 10 зерен, сформировавшиеся в 4 колосках (7, 8, 33 и 35). Следует отметить, что 7 и 8 из указанных колосков находились в верхней части колоса, а 33 и 35 – в нижней, что опровергает гипотезу вертикального распределения содержания протеина в метелке.

В литературе можно встретить мнение о том, что в мелких фракциях овса содержание протеина меньше чем в более крупных [2]. По этой причине для крупяного производства часто мелкие фракции отсеиваются, а партии с высокой долей мелкого зерна могут браковаться (ГОСТ 28673-2019). Минимальное содержание протеина (до 17%), как было отмечено ранее, было в зерне из 1, 2, 12 и 22 колоска, однако их средняя масса варьировала от 26 до 36 мг при средней величине по метелке 28 мг. В этой же метелке максимальное содержание протеина (от 19,0%) было зафиксировано у зерен, масса которых 25...28 мг. Данный факт указывает на отсутствие необходимости проведения дополнительной сортировки партий плёнчатого овса для крупяной промышленности.

Корреляционный анализ показал наличие умеренной связи между пространственным положением колоска и содержанием сырого протеина в ядрах зерновок ($r=0,46$). Более существенная корреляция прослеживалась между ярусами (мутовки) и сырым протеином ($r=0,76$), что соответствовало высокой степени связи. Анализ взаимосвязи между массой зерновки и содержанием в ней протеина показал обратную умеренную связь ($r=-0,44$), лишь частично подтверждает мнение о том, что чем крупнее зерно, тем ниже содержание в нем сырого протеина [3].

Заключение

В ходе детального анализа морфологических, технологических и биохимических свойств модельный сорт овса Серебристый характеризуется очень низкой вариабельностью озерненности главной метёлки ($CV=8,5\%$) при среднем значении 81 зёрен, сформировавшихся в 37 колосках. Масса 1000 зерен составила 35,36 грамм и также варьировала в незначительном диапазоне. Средняя масса зерновки в метёлке составляла 28 мг при варьировании в очень широком диапазоне – от 13 до 40 мг ($CV=26\%$). Характер расположения мелких и крупных зерновок по метелке хаотичный – корреляция с расположением по вертикали не прослеживается ($r=-0,32$). Среднее содержание сырого протеина в ядрах зерновок составило $18,0 \pm 0,7\%$ с диапазоном от 16,5 до 19,3% и очень низкой вариабельностью ($CV=4,3\%$). Установлена корреляция между ярусностью и содержанием сырого протеина в зерновках: положение колосков ($r=0,46$); мутовок – $r=0,76$.

Библиографический список

1. Любимова, А. В. Овёс в Тюменской области / А. В. Любимова, А. С. Иваненко. – Тюмень : Тюменский научный центр СО РАН, 2021. – 172 с. – ISBN 978-5-4266-0203-8.
2. Логвинова, Е. В. Перспективные линии голозерного овса в Курском федеральном аграрном научном центре / Е. В. Логвинова, А. А. Емельянова, А. Я. Айдиев. // Достижения науки и техники АПК. – 2023. – Т. 37, № 8. – С. 37-41. – DOI 10.53859/02352451_2023_37_8_37.
3. Sunilkumar B.A., Tareke E. Identification of differences in grain quality and grain protein composition using the example of avenin proteins in oats after an attempt to increase the protein content. / B.A. Sunilkumar, E. Tareke. // Agriculture and food security. 2016. vol.5(7). <https://doi.org/10.1186/s40066-016-0056-6>.

Сведение об источнике финансирования. Работа выполнена за счет государственного задания 124022900011-6 и при поддержке Западно-Сибирского межрегионального научно-образовательного центра мирового уровня.

ПОВЫШЕНИЕ АДАПТИВНОСТИ ОГУРЦА К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССАМ

Чинчаладзе М.Г

ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А.Тимирязева), г. Москва 127434; email - info@rgau-msha.ru.

Важная задача для аграрного сектора экономики нашей страны – усиление его эффективности. Овощи – один из важнейших продуктов питания населения России. В среднем, у нас их производится около 90 кг на душу населения. Среднестатистический россиянин потребляет 106 кг плодов и овощей, тогда как в зарубежных странах гораздо больше. Общая мировая тенденция развития овощеводства - быстрое нарастание объемов производства овощей, так за десять лет в мире оно увеличилось на 42 %, России – на 20 %

[1]. Огурец – традиционная овощная культура, по площадям в защищенном грунте в России занимает лидирующие места.

Цель работы - изучить повышение адаптивности огурца в защищенном грунте к биотическим и абиотическим стрессам под влиянием регуляторов роста.

Методика опытов

Схема опыта состоит из трёх факторов: Фактор А - Вид теплицы: А₁ - Современная теплица; А₂ - Плёночная теплица. Фактор Б - Гибриды огурца F₁: Б₁ - Бенефис, Б₂ - Герман, Б₃ - Динамит, Б₄ - Северин, Б₅ - Мурашка, Б₆ - Конни. Фактор В -Регуляторы роста: В₁ - Циркон, В₂ - Биодукс, В₃ - Агростимул, В₄ – Силиплант. Опыт заложен в четырёхкратной повторности, методом рандомизированных повторений. Высадку рассады в теплицу осуществляли 3 июня. Расстояние между растениями 40 см, двухстрочная схема посадки 90×40. Густота посадки 3 растения на 1 м². Растения подвязывали к шпалере, формировали в 1 стебель. Общепринятая агротехника служила образцом при уходе за культурой. В опыте использовали партенокарпические гибриды F₁: Бенефис, Герман, Динамит, Северин, Конни, Мурашка.

Методика определения урожайности и болезней

Урожайность определяли весовым методом. В период вегетации проводили сбор плодов с каждого растения и записывали результат в журнал. Урожайность каждого сбора суммировали в конце вегетации растения. Массу каждого огурца измеряли на технических весах. В течении вегетации определяли растение, пораженное болезнью визуально.

Результаты

Влияние регуляторов роста на содержание пигментов в листьях огурца

Для извлечения пигментов из листьев применяют полярные растворители, например, наиболее часто применяющийся - этиловый спирт, или даже смесь неполярных и полярных растворителей. Зафиксированные листья помещают в эксикатор и хранят в темном и прохладном месте. Вытяжку листьев используют для количественного анализа пигментов. Концентрацию определяют при помощи фотоэлектроколориметра [2].

В результате опыта, у растений огурца, обработанных регуляторами роста Циркон и Агростимул было высокое количество хлорофилла b. При применении регуляторов роста количество хлорофилла a было выше, чем в контрольном варианте. Сравнивая результат суммы хлорофиллов a и b растений, обработанных препаратами, с контрольным вариантом, сумма хлорофиллов у первых значительно выше.

Таким образом, обработка регуляторами роста растений огурца повышает хлорофилл a, хлорофилл b и каротиноиды, соответственно на: Циркон - 18%, 15%, 41%; Биодукс - 0,8%, 6%, 16%; Агростимул - 7%, 26%, 25%; Силиплант – 16%, 5%, 16%. Листья огурца, обработанные препаратами Циркон и Агростимул отличались высоким содержанием каротиноидов, по сравнению с контрольной группой

Установленные различия между вариантами опыта позволяют заключить, что все изучаемые препараты способствуют сохранению концентрации хлорофиллов (a + b) у растений огурца в условиях стресса, а проведенные обработки обеспечивают поддержание фотосинтетической активности листьев.

Влияние регуляторов роста на урожайность гибридов огурца

Массовое созревание плодов началось 5 июля. Растения, обработанные регулятором роста, начинали плодоношение раньше, чем в контроле. Это обеспечило повышение выхода ранней продукции. Существенные различия с контролем были получены на вариантах опыта с обработкой Цирконом и Агростимулом. Под влиянием обработки препаратами урожайность гибрида огурца Бенефис F₁ в современных теплицах с капельным орошением была 10,9-12,0 кг/растение, что существенно (на 9-20%) превысило контроль. Лучший результат получен в варианте с обработкой Цирконом, в котором прибавка составила 20,0%

к контролю. Под влиянием обработки препаратами урожайность огурца в плёночных теплицах была 9,6-11,3 кг/растение, что существенно (на 6-24%) превысило контроль.

В ходе исследований установлено существенное влияние регуляторов роста и способов выращивания гибридов огурца на урожайность. В современных теплицах с применением капельного орошения и субстрата Сублим урожайность огурца получается на 3,5 кг больше, чем в плёночных теплицах за счёт регулируемых температурных режимов и регулирования комплекса агротехнических мероприятий.

По комплексу исследуемых факторов для промышленного выращивания можно рекомендовать гибриды огурца F₁: Бенефис, Динамит, а для садоводов-любителей подходят все изучаемые гибриды, так как обладают сбалансированным вкусом и пригодны для переработки.

Обработка регуляторами роста растений огурца способствует повышению защитных реакций и замедлению темпов развития болезни огурца, что обеспечивало повышение выхода ранней продукции и увеличение урожайности в среднем на 10% по сравнению с контролем.

Список литературы:

1. Семеноведение овощных и бахчевых культур / В. А. Лудилев ; М-во сел. хоз-ва Рос. Федерации, Федер. агентство по сел. хоз-ву. — Москва : Росинформагротех, 2005. — 391 с.
2. Практикум по физиологии растений: учебно-методическое пособие / В.Н. Воробьев, Ю.Ю. Невмержицкая, Л.З. Хуснетдинова, Т.П. Якушенкова. — Казань: Казанский университет, 2013. — 80 с.
3. Пивоваров В. Ф., Солдатенко А. В., Пышная О. Н. и др. Современные тенденции развития селекции овощных и бахчевых культур // Овощи России. 2022. № 3.С. 5-15.
5. Медведев, С.С Физиология растений : Учебное пособие / С.С Медведев. — Санкт-Петербург : «БХВ-Петербург», 2012. — 495 с. — ISBN 978-5-9775-0716-5

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ И УРОВНЯ УСТОЙЧИВОСТИ РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ *BEAUVERIA BASSIANA* К ФУНГИЦИДАМ ГРУППЫ ТРИАЗОЛОВ

**Ханова А.С., Блинова Я.А., Шубина С.И., Горбатова И.В.,
Казакова Е.А.**

Курчатовский комплекс радиологии и агроэкологии ФГБУ «Национальный исследовательский центр «Курчатовский институт» (НИЦ «Курчатовский институт» – КК РАЭ),

24903, Россия, Калужская область, г. Обнинск, Киевское шоссе, д.1, к. 1

e-mail: micenyk-anastasi@mail.ru

Сравнительный анализ морфофизиологических параметров и уровня устойчивости различных генотипов *Beauveria bassiana* к фунгицидам группы триазолов

Для изучения потенциала использования энтомопатогенных грибов (ЭПГ) в интегрированной системе защиты растений нами был проведён сравнительный анализ морфофизиологических параметров и уровня устойчивости различных генотипов *Beauveria bassiana* к фунгицидам триазольной группы.

Новые генотипы *B. Bassiana*: 10M1.1-700, 1M1.2-700, 8M1.2-700 и 8M1.1-850 – были получены путём гамма-индуцированного мутагенеза. Суспензию конидий изолята дикого типа подвергали гамма-облучению при комнатной температуре в дозах 700 и 850 Гр на уникальной научной гамма-установке ГУР-120 (источник – ^{60}Co , НИЦ «Курчатовский институт» – КК РАЭ). Облучение суспензии конидий проводили при мощности дозы 200 Гр/ч.

Для определения активности внеклеточных ферментов (протеазы и липазы), разрушающих кутикулу насекомых, использовали метод анализа на агаровых пластинах. Субстрат для оценки активности протеазы – обезжиренное молоко, для липазы – полисорбат-20 (Tween 20). Наличие кольца гидролиза вокруг изолятов *B. Bassiana* на среде со специальным субстратом указывала на активность изучаемого фермента. Изоляты инкубировали на селективных средах в течение 6 дней (2 независимых эксперимента, 4 независимых повторности на каждый генотип).

Тесты на агрессивность генотипов *B. Bassiana* проводили на модели обыкновенной злаковой тли (*Schizaphis graminum* (Rondani)). Листья пшеницы (5-6 см) смачивали в суспензии с конидий изолята дикого типа и гамма-мутантных линий, затем оставляли подсыхать на воздухе. Подготовленные листья помещали на фильтровальные бумажные диски, смоченные дистиллированной водой, на дно чашки Петри. В каждую чашку помещали по 20 особей *S. graminum*. Показатель LT50 и LT100 оценивали при помощи кривой выживаемости Каплана-Майера (2 независимых эксперимента, 4 независимых повторности на каждый генотип).

Для оценки чувствительности различных генотипов *B. Bassiana* к фунгицидам группы триазолов, входящих в состав коммерческого препарата «Геката» ((АО «Фирма Август», Россия) 120 мкг/л дифеноконазола и 60 мкг/л тетраконазола) использовали две рабочие концентрации препарата в среде на основе КДА: 5 % и 8 % от полевого расхода фунгицида для обработки сельскохозяйственных культур по инструкции производителя.

Статистический анализ проводили в среде программирования Python версии 3.11. Для определения статистически значимых различий использовали непараметрический статистический тест U-критерий Манна-Уитни. Результаты, где значение p меньше или равно 0,05, считали статистически значимыми.

В результате анализа наличия активности протеазы выявили статистически значимое снижение активности данных ферментов у мутантных генотипов 10M1.1-700 и 8M1.2-700 по сравнению с изолятом дикого типа (WT – wild type). Статистически значимое увеличение активности протеазы по сравнению с WT отмечено у генотипа 1M1.2-700. Статистически значимых отличий между исследуемыми генотипами ЭПГ в изменении уровня активности внеклеточного фермента липазы выявлено не было.

Анализ выживаемости лабораторной популяции *S. graminum* после заражения изолятом дикого типа и генотипами 10M1.1-700, 1M1.2-700, 8M1.2-700 и 8M1.1-850 *B. bassiana* показал, что время, за которое погибло 50 % особей после инокуляции листьев пшеницы конидиями различных генотипов ЭПГ, у генотипа 1M1.2-700 составило 120 ч. За время проведения биотестирования (8 суток) генотипы 8M1.1-850 и WT за это же время не смогли достичь 100% показателя смертности, что свидетельствует о более низком уровне агрессивности.

В результате оценки чувствительности исследуемых генотипов к фунгицидам триазольной группы выявлено, что 5 % концентрация фунгицида в среде оказала статистически значимый ингибирующий эффект на рост и развитие мицелия у генотипов 10M1.1-700, 1M1.2-700 и 8M1.1-850 по сравнению с изолятом WT. Концентрация фунгицидного препарата в среде 8 % оказала статистически значимое негативное влияние на все исследуемые генотипы. Это указывает на сниженную устойчивость этих генотипов

к фунгицидному препарату «Геката» по сравнению с изолятом дикого типа *B. bassiana*, выделенного из имаго сибирского шелкопряда.

Полученные результаты по активности ферментов согласуются с данными по биотестированию агрессивности генотипа WT и мутантных генотипов 10M1.1-700, 1M1.2-700, 8M1.2-700 и 8M1.1-850 *B. Bassiana* на модели *S. graminum*. Полученные данные позволяют предположить, что уровень агрессивности ЭПГ связан с активностью внеклеточных ферментов (липазы и протеазы), обеспечивающих разрушение кутикулы, и, как следствие, проникновение ЭПГ в организм хозяина.

ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ ГИБРИДОВ ЦВЕТНОГО КАРТОФЕЛЯ К РАКУ И ЗОЛОТИСТОЙ НЕМАТОДЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЛАБОРАТОРНЫХ МЕТОДОВ И МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

Королева А.К., Сиволапова А.Б., Мананков В.В.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр картофеля имени А.Г. Лорха» (ФГБНУ ФИЦ картофеля им. А.Г. Лорха), 140051, Россия, Московская область, Люберецкий район, п. Красково, ул. Лорха, д. 23, литера «В».

Картофель как продовольственная культура имеет большую значимость для населения России, и расширение ассортимента картофеля для здорового питания, в совокупности с устойчивостью к различным патогенам, является важной задачей селекции.

Природные антоцианины флавоноидной группы, которые определяют различную окраску кожуры и мякоти клубня, выполняют также роль антиоксидантов. Поэтому картофель с пигментированной мякотью может иметь преимущество перед неокрашенными сортами в аспекте здорового питания.

Не менее важным признаком для картофеля является его устойчивость к фитопатогенам, одними из наиболее вредоносных патогенов являются рак картофеля (возбудитель – *Synchytrium endobioticum* ((Schilb.) Percival) и золотистая цистообразующая картофельная нематода (*Globodera rostochiensis* (Woll.) Behr.). Устойчивость к раку картофеля также является необходимым условием для регистрации нового сорта.

В работе было проанализировано 38 перспективных гибридов цветного картофеля различного генетического происхождения, которые были искусственно заражены золотистой цистообразующей нематодой и раком картофеля в лабораторных условиях, а также оценены на наличие маркеров генов устойчивости к данным патогенам.

Лабораторное заражение проводилось во Всероссийском пункте по испытанию сортов на устойчивость к раку и картофельной нематоде в соответствии методикой [1] в течении двух лет.

По результатам оценки устойчивости к раку картофеля выявлено 12 устойчивых и 26 восприимчивых образцов. При этом 11 из 12 устойчивых образцов оказались также устойчивы и к нематоде. По результатам двухлетней оценки устойчивости к нематоде выявлено 24 устойчивых и 14 восприимчивых образцов.

При проведения молекулярно-генетического анализа были использованы маркеры гена *H1*, ассоциированного с устойчивостью к патотипу Ro1 цистообразующей нематоды - H1- N146 и H1-N195. Для идентификации одного из основных доминантных генов иммунитета к патотипу 1 рака картофеля (ген *Sen1*) использовали маркер Y1delATT.

Выделение ДНК производилось из молодых листьев в соответствии с экспресс-методом [2]. Идентификацию маркеров генов осуществляли методом мультиплексной ПЦР [3]. Продукты ПЦР разделяли с помощью электрофореза в агарозном геле.

По итогам молекулярного анализа у 21 из 38 исследованных образцов были выявлены оба маркера гена *H1*; у 2 образцов обнаружен только маркер N195. У 15 образцов маркеров гена устойчивости к золотистой картофельной нематоде обнаружено не было.

Из всех исследуемых образцов 89,5% продемонстрировали чёткую взаимосвязь генотипа и фенотипа, то есть наличие маркеров при подтвержденной лабораторной устойчивости и наоборот, их отсутствие при лабораторной восприимчивости, что показывает высокую эффективность использования маркеров N146 и N195 для выявления генетической устойчивости картофеля к золотистой нематоде.

Маркер Y1delATT гена *Sen1* был обнаружен в геномах 6 из 38 исследуемых образцов. Результат сравнительной оценки генотипа и фенотипа показал только одностороннее соответствие у 20 из 38 образцов – у восприимчивых по результатам лабораторного заражения не было обнаружено маркера в геноме. При этом 6 образцов, у которых маркер был детектирован, оказались также восприимчивы к заболеванию по результатам лабораторного заражения. Остальные 12 образцов оказались устойчивы без наличия маркера. Таким образом, полученные данные показали неэффективность использования маркера Y1delATT в качестве показателя наличия генетической устойчивости к раку картофеля у растений из нашей выборки.

Среди всех проанализированных образцов выделились 8 гибридов: 19 (M16X31TC x Гала), 21 (54-10-3 x Терра роза), 34 (54-10-3 x Терра роза), 39 (M16X31TC x Гала), 41 (M16X31TC x Гала), 42 (KC211XY04-10 x Гала), 49 (726 x 46-98-6), 68 (Северное сияние x Русский сувенир). Эти образцы показали одновременное наличие лабораторной устойчивости к раку картофеля и золотистой картофельной нематоде, а также наличие маркеров гена устойчивости *H1* в сочетании с пигментированной мякотью клубня.

Поскольку в настоящее время большое внимание уделяется улучшению качества питания и цветной картофель обладает потенциалом в данном направлении, благодаря его высокой антиоксидантной активности, важно расширять ассортимент. Разнообразие цветных гибридов и сортов картофеля, не только обладающих ценностью для здорового питания, но и демонстрирующих устойчивость к различным патогенам, представляет интерес для отрасли.

Список литературы:

1. Методики исследований по защите картофеля от болезней, вредителей, сорняков и иммунитету ВНИИКС, 1995. - 105 с.
2. Hosaka K. An easy, rapid, and inexpensive DNA extraction method, “one-minute DNA extraction,” for PCR in potato. Am. J. Potato Res. 2004. 81:17–19
3. Mori K., Sakamoto Y., Mukojima N. et al. Development of a multiplex PCR method for simultaneous detection of diagnostic DNA markers of five disease and pest resistance genes in potato. Euphytica 2011. 180: 347–355

ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ ПРИЁМЫ ЗАКЛАДКИ УЧАСТКОВ ГИБРИДИЗАЦИИ, ОБЕСПЕЧИВАЮЩИЕ ПОЛУЧЕНИЕ ВЫСОКОГО УРОЖАЯ СТЕРИЛЬНОЙ МАТЕРИНСКОЙ ЛИНИИ ЯРОВОГО РАПСА LHS-1 НА ОСНОВЕ ЦМС «POLIMA»

Кудинов М.И¹, Горшков В.И¹.

1 - Липецкий научно-исследовательский институт рапса – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта» (ЛНИИР - филиал ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК), Липецк 398037; E-mail: info@lniir.ru.

В мире отмечается устойчивое наращивание производства семян сортов и гибридов рапса. Повышение их урожайности и качества семян является приоритетной задачей современного семеноводства. Использование цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС) значительно облегчает процесс получения гибридов, способствует повышению их урожайности и улучшению качества семян [1]. Среди различных систем ЦМС особо выделяется система «Polima», которая считается одной из наиболее эффективных и связанна с митохондриальным химерным геном *orf224* [2].

Целью нашего исследования является: «Определение оптимальной технологии закладки участка гибридизации материнской линии ярового рапса LHS-1 на основе ЦМС «Polima», обеспечивающего получение до 30 ц/га семян». Исследование направлено на оптимизацию технологических приёмов закладки участков гибридизации, включающих выбор сроков посева, норм высева и систем удобрения, обеспечивающих максимальную продуктивность растений и масличность семян. Полевые опыты закладывались в 2023-2025 гг. в отделе селекции и семеноводства рапса Липецкого научно-исследовательского института рапса – филиала ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК на выщелоченном тяжелосуглинистом черноземе в лесостепи ЦЧР России.

Содержание гумуса в почве 5,28-7,81 %, pH – 5,1-6,7, сумма поглощённых оснований – 32,0-40,2 мг-экв./100 г почвы %. Метеорологические условия 2023-2025 гг. в Липецке в целом удовлетворительные для ярового рапса с температурным режимом, подходящим для данной культуры. Но, существовал риск водного стресса в апреле и мае из-за дефицита осадков.

В опытах применяли технологию возделывания, общепринятую для ярового рапса в ЦЧР [3]. Закладка опыта, фенологические наблюдения, учёты, анализы и математическая обработка данных выполнены с использованием общепринятых методик [4; 5; 6; 7].

Полевой опыт был трехфакторный. Фактор А (делянки первого порядка) – сроки сева: ранний (18 апреля), средний (28 апреля) и поздний (22 мая). Фактор В (делянки второго порядка) – фон комплексных удобрений, использовалась нитроаммофоска (N₁₅P₁₅K₁₅) в изучаемых дозах: (NPK)₄₀, (NPK)₈₀ и (NPK)₄₀ + двукратные некорневые подкормки Биостимом Масличным (внесение в фазах бутонизация и начало цветения – 2,0 л/га). Фактор С (делянки третьего порядка) – норма высева: 0,5; 0,8 и 1,2 млн. шт./га всхожих семян.

В качестве объекта исследования выступала стерильная материнская линия ярового рапса на основе ЦМС «Polima» LHS-1, в качестве опылителя использовался сорт ярового рапса Ратник, являющийся для неё закрепителем стерильности. В опыте было 36 вариантов. Контрольный вариант опыта: фон удобрения (NPK)₄₀ и норма высева 0,8 млн. шт./га. Повторность опыта трехкратная.

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

Ранний срок посева увеличивал продолжительность вегетационного периода у линии LHS-1 до 111 дней. Поздний посев характеризовался самым коротким вегетационным периодом – 95 дней, ускоренным прохождением фенологических фаз, что отрицательно повлияло на урожайность изучаемой линии.

Максимальная урожайность материнской формы LHS-1 получена при сочетании раннего срока посева (18 апреля) с дозой комплексных удобрений (NPK)₄₀ + внесение некорневой подкормки Биостима Масличного (доза 2 л/га) при норме высева 0,8 млн.шт/га – 25,9 ц/га.

Норма высева семян и фон удобрений повлияли на высоту растений линии LHS-1 и устойчивость к полеганию. Наилучшая устойчивость к полеганию (4-4,5 балла из 5) отмечена при среднем сроке сева (28 апреля) с внесением подкормки Биостим Масличный (2 л/га).

Биохимический анализ семян линии LHS-1 показал, что наибольшая масличность семян (до 39,4 %) достигнута при раннем сроке сева и удвоенном фоне минерального питания (NPK)₈₀. Содержание белка при этом варьировало от 26,7 до 29,2 %, уровень глюкозинолатов находился в пределах 18-21 мкмоль/г. Содержание олеиновой кислоты составило 62,4 %, что является высоким показателем качества масла.

Таким образом, оптимальные условия для закладки гибридизационных участков ярового рапса линии LHS-1 на основе ЦМС «Polima» в условиях ЦЧР создаются при раннем сроке посева (18-20 апреля), норме высева 0,8 млн. всхожих семян/га и внесении комплексных удобрений в дозе (NPK)₄₀ в сочетании с двукратной некорневой подкормкой Биостимом Масличным в фазы бутонизация и начало цветения (2 л/га). Комбинированное применение (NPK)₄₀ с внесением подкормки Биостима Масличного обеспечивает наилучшее сочетание урожайности, повышения устойчивости к полеганию и качества маслосемян, вследствие оптимизации метаболизма и стимуляции стрессоустойчивости растений. Такое сочетание факторов обеспечивает стабильную урожайность до 30 ц/га и высокое качество маслосемян стерильной материнской линии ярового рапса LHS-1 на основе ЦМС «Polima».

Список литературы:

1. Пастухов, И. О. Селекционно-генетические принципы создания гетерозисных гибридов рапса ярового (*Brassica napus* L.) в условиях Центрально-Черноземного региона: специальность 06.01.05 "Селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений": диссертация на соискание ученой степени кандидата сельскохозяйственных наук / Пастухов Игорь Олегович, 2018. – 135 с.
2. Gaborieau, L. Comparative genomic analysis of the compound Brassica napus Rf locus / L. Gaborieau, G.G. Brown // BMC Genomics. – 2016. – Vol. 17, No. 1. – P. 1-15. – DOI 10.1186/s12864-016-3117-0.
3. Карпачев В.В., Савенков В.П., Горшков В.И. и [др.] Перспективная ресурсосберегающая технология производства ярового рапса: метод. рекомендации. – М.: Росинформагротех, 2008. – 60 с.
4. Методика государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур / под ред. М.А. Федина. – М.: Агропромиздат, 1985. – 296 с.
5. Карпачев, В.В. Рапс яровой. Основы селекции: монография. / В.В. Карпачев – ГНУ ВНИПТИ рапса. – Липецк, 2008. – 236 с.
6. Доспехов Б. А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). – 5-е изд., доп. и перераб. – М.: Агропромиздат, 1985. – 351 с.
7. Вольф В.Г. Статистическая обработка опытных данных. – М.: Колос, 1966. – 253 с.

ИССЛЕДОВАНИЕ МЕХАНИЗМОВ ПОВЫШЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ ВИНОГРАДА К АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССОРАМ С ПОМОЩЬЮ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ

Луцкий Е.О., Сундырева М.А., Баранов М.О.

*ФГБНУ Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства,
виноградарства, виноделия (СКФНЦСВВ), Краснодар, 350901, E-mail:
kubansad@kubannet.ru.*

Адаптационные механизмы у сортов винограда с различной устойчивостью к низким температурам различаются на основе полученных данных физиолого-биохимического и молекулярно-генетического анализа. Установлены потенциальные гены углеводного метаболизма, активирующиеся при изменении температуры окружающей среды, которые могут служить маркерами изменения морозостойкости винограда. Установлена зависимость экспрессии генов VviRafS и VviGolS от снижения температуры окружающей среды и под воздействием физиологических веществ. Морозостойкий сорт Курчанский характеризовался высоким содержанием ненасыщенных ЖК – линолевой, линоленовой, в то время как у менее устойчивого сорта ТАНА 33 преобладала пальмитиновая кислота. Индекс ненасыщенности ЖК у сорта ТАНА 33 был ниже. Показано, что больше всего к повреждениям низкими температурами был подвержен сорт V. vinifera Мерло как в состоянии органического покоя, так и в состоянии вынужденного покоя, в меньшей степени – сорт Курчанский.

Обработка комплексом физиологически активных веществ метилжасмонатом, 2,4-эпибрассинолидом и пролином оказывает положительное влияние на снижение повреждаемости тканей листа и лозы винограда, снижение интенсивности окислительного стресса (2,4-эпибрассинолид, пролин) повышению уровня растворимых сахаров (обработка пролином) у неморозостойкого сорта Мерло как на экспериментальных черенках (-20 °C), так и на однолетних саженцах (-10 °C). Обработка комбинацией метилжасмоната и пролина, а также салициловой кислоты и пролина однолетних вегетирующих саженцев винограда сорта Мерло оказывает положительное влияние при воздействии низких температур (-1.5 °C), снижая уровень повреждения тканей, окислительного стресса, повышает содержание свободных аминокислот, а также усиливает экспрессию защитных генов.

Обработка винограда неустойчивого сорта Бархатный комплексом физиологически активных веществ аргинина и пролина, метилжасмоната и пролина, а также салицилата и пролина позволяет защитить от повреждений фотосинтетический аппарата в условиях комбинации стресса засухи и высокой температуры, повышает активность антиоксидантных ферментов, повышает содержание свободных аминокислот, усиливает экспрессию защитных генов.

Список литературы:

1. Dami I. Variations of freezing tolerance and sugar concentrations of grape buds in response to foliar application of abscisic acid. Front. Plant Sci. 2023.14.
2. Ershadi A., Karimi R., Naderi K. Freezing tolerance and its relationship with soluble carbohydrates, proline and water content in 12 grapevine cultivars. Acta Physiol Plant. 2015. 38:2
3. Gutiérrez-Gamboa G. A review of the use of biostimulants in the vineyard for improved grape and wine quality: Effects on prevention of grapevine diseases. J. Sci. Food Agric. 2019. 99.
4. Hasanuzzaman M. Regulation of Ascorbate-Glutathione Pathway in Mitigating Oxidative Damage in Plants under Abiotic Stress. Antioxidants (Basel). 2019. 8.
5. Karimi R. Role of exogenous abscisic acid in adapting of 'Sultana' grapevine to low-temperature stress. 2015. 37:8.

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

РАСТЕНИЯ ЭКСТРЕМОФИЛЫ: БИОРЕСУРС ДЛЯ УСТОЙЧИВОГО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА В УСЛОВИЯХ МЕНЯЮЩЕГОСЯ КЛИМАТА.

Шабанова А.Е.¹, Авакумов А.Д.¹

*1 – ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени
К.А. Тимирязева» (ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева), 127434, г. Москва,
ул. Тимирязевская, 49 E-mail: satira_nm@mail.ru*

Растения-экстремофилы — это растения, способные выживать в экстремальных условиях среды: при высокой засоленности почв, дефиците воды, экстремальных температурах или загрязнении тяжелыми металлами. Их уникальные адаптации представляют огромный интерес для решения проблем современного сельского хозяйства. Цель работы — анализ потенциала растений-экстремофилов как ресурса для повышения устойчивости агроценозов в условиях изменения климата. Задачи включают изучение их адаптационных механизмов, оценку возможности их использования в селекции и фиторемедиации, а также анализ связанных с этим рисков.

Важность растений-экстремофилов для сельского хозяйства проявляется в нескольких направлениях. Во-первых, использование галофитов для освоения засоленных земель и создания кормовой базы. Например, растение солерос выращивают на непригодных для обычных культур засоленных почвах, а его биомассу используют как корм для скота [1]. Во-вторых, экстремофилы обладают большим потенциалом для селекции и генной инженерии как источник генов устойчивости к стрессовым факторам. Гены, отвечающие за устойчивость к засолению, засухе или другим неблагоприятным условиям, выделяют у диких экстремофилов и внедряют в геном сельскохозяйственных культур для повышения их выносливости. Так, гены, отвечающие за солеустойчивость, выделяют у галофита *Arabidopsis salsauginea*, и внедряют их в геном пшеницы или томатов [2]. В-третьих, это фиторемедиация — специализированных растений для очистки загрязненных почв от тяжелых металлов. Эти растения поглощают и накапливают токсины в своих тканях, и их последовательное выращивание и уборка позволяют эффективно очищать загрязненные земли. Классическим примером является ярутка полевая, которая способна накапливать в своих листьях цинк и кадмий [3].

Растения-экстремофилы являются ключевым ресурсом для обеспечения продовольственной безопасности в XXI веке. Их изучение и использование позволяют разрабатывать стратегии адаптации сельского хозяйства к климатическим изменениям, повышать урожайность на деградированных землях и сокращать антропогенную нагрузку на агроэкосистемы. Дальнейшие исследования в этой области — необходимое условие для создания устойчивого и продуктивного сельского хозяйства будущего.

Список литературы:

1. Битаришвили, С. В. роль фитогормонов и генов их метаболизма при адаптации растений ячменя к радиационному воздействию / С. В. Битаришвили, П. Ю. Волкова, В. С. Бондаренко. — Текст : непосредственный // IX съезд общества физиологов растений России «Физиология растений - основа создания растений будущего». — Казань : Издательство Казанского университета, 2019. — С. 69.

2. Минибаева, Ф. В. Растения-экстремофиллы: уроки устойчивости / Ф. В. Минибаева, R. P. Beckett. — Текст : непосредственный // IX съезд общества физиологов растений России «Физиология растений - основа создания растений будущего». — Казань : Издательство Казанского университета, 2019. — С. 522.

3. Shtangeeva, I. V. About plant species potentially promising for phytoextraction of large amounts of toxic trace elements / I. V. Shtangeeva. — Текст : непосредственный // Environmental Geochemistry and Health. — 2020. — № 10653. — С. 1689-1701.

РАЗРАБОТКА ПАНЕЛИ SSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ УРОВНЯ ГИБРИДНОСТИ КОЧАННОЙ КАПУСТЫ (*BRASSICA OLERACEA* VAR. *CAPITATA*)

**Стрембовский И.В., Черноок А.Г., Лаппо А.А., Самарина М.А., Крупин П.Ю.,
Дивашук М.Г.**

**ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail:
iab@iab.ac.ru**

Кочанная капуста (*Brassica oleracea* var. *capitata*) занимает третье место в мире по площади возделывания среди видов семейства *Brassicaceae* и является ведущей культурой этого семейства в России. В связи с выраженным проявлением эффекта гетерозиса у кочанной капусты, современная селекционная стратегия как в мире, так и в РФ ориентирована на создание гетерозисных гибридов F₁, превосходящих традиционные сорта по своей продуктивности [1]. Для оценки уровня гибридности (гибридной сиды), т.е. количества аллельных вариантов локусов, унаследованных от каждого из родителей, применяют специализированные панели полиморфных маркеров. Эти же наборы маркеров используются при генотипировании родительских линий для подбора генетически неродственных форм и максимизации гетерозиса [2]. Поскольку к подобным панелям маркеров предъявляются такие специфические требования как отсутствие сцепления с хозяйственно-ценными признаками, максимальная дискриминирующая (различающая) способность, высокая полиморфность, минимальный размер набора и т.д., разработаны отдельные подходы к их формированию. В данной работе мы предлагаем авторский алгоритм по отбору панели SSR-маркеров для оценки уровня гибридности капусты белокочанной в поддержку маркер опосредованной селекции данной культуры в РФ.

Концептуально предлагаемый алгоритм можно представить как набор последовательно выполняемых этапов: 1) формирование базы данных известных SSR-локусов капусты и удаление дубликатов (наша база включала 583 уникальных SSR-локуса), 2) симуляция *in silico* ПЦР на пуле сборок генома капусты (6 сборок) и отбор SSR-локусов, амплифицирующих специфичный ПЦР продукт оптимального для детекции размера в 600 п.н. (180 локусов), 3) сокращение массива SSR-локусов и отбор наиболее информативных из них с использованием алгоритма RFE (recursive feature elimination) с поддержкой методом бутстрапа и 10000 итерациями (13 SSR-локусов), 4) маскирование отобранного набора локусов и его искусственное расширение за счёт повторного применения алгоритма RFE (16 SSR-локусов).

На основании отобранного набора из 16 SSR-локусов были разработаны соответствующие ПЦР-маркеры. Валидация маркеров осуществлялась на 4 гибридах капусты. Подтвердивший свою функциональность набор ПЦР-маркеров был адаптирован

для постановки фрагментного анализа с перспективой его перевода в мультиплексный формат.

Разработанный набор состоял из 16 SSR-маркеров, расположенных на всех хромосомах капусты кроме 9. Минимальное расстояние между парой маркеров составляло 4,8 Мпн, что уменьшает вероятность их физического сцепления. Диапазон размера ПЦР продуктов для данного набора варьировал от 131 до 348 п.н. В ходе ПЦР с каждого маркера амплифицировалось от 2 до 3 фрагментов. Набор был намеренно сделан избыточным, чтобы различать генотипы, не представленные в публичных базах данных.

Сравнение экспериментально полученных размеров ампликонов с предсказанными *in silico* показало незначительные расхождения: среднее отклонение составило 3–4 п.н. Максимальное отклонение (10 п.н.) было зафиксировано для единственного маркера.

При валидации на 4 гибридах капусты полиморфность продемонстрировали 6 маркеров из 16. В дальнейшем планируется расширить количество анализируемых образцов за счёт родительских линий и производных от них гибридов.

Проделанная работа выполнена в рамках Государственного задания FGUM-2024-0006.

Список литературы:

1. Singh H., Sekhon B. S., Kumar P., et al. Genetic mechanisms for hybrid breeding in vegetable crops. *Plants*. 2023. 12(12): 2294.
2. El-Esawi M. A., Germaine K., Bourke P., et al. Genetic diversity and population structure of *Brassica oleracea* germplasm in Ireland using SSR markers. *C. R. Biol.* 2016. 339(3-4): 133-140.

ИЗУЧЕНИЯ ГЕНОТИПОВ ЧЕЧЕВИЦЫ В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОГО КАЗАХСТАНА

Хасанова Г.Ж.¹, Джатаев С.А.¹, Кузбакова М.М.¹, Середа Т.Г.²

**1 - НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им.
С.Сейфуллина» (КАТИУ), Астана 010000; e-mail: khasanova-gulmira@mail.ru**

**2 – Карагандинская сельскохозяйственная опытная станция им. А.Ф. Христенко
(КСХОС), Карагандинская область, 100435; e-mail: sereda_t@bk.ru**

Чечевица (*Lens culinaris* Medik) обладает не только высокими питательными свойствами, но и великолепной адаптивностью, что делает её привлекательной культурой для различных климатических условий. В регионах с ограниченными ресурсами воды и удобрений чечевица требует значительно меньшего ухода по сравнению с другими бобовыми культурами. Одной из важных решений обеспечения продовольствием в будущем в климатических условиях Казахстана является выращивание такой культуры как чечевица. Культивируемая чечевица – это продовольственно-ценная и кормовая культура с большим и сложным геномом [1].

Для обеспечения устойчивого роста урожайности необходимо наряду с традиционными методами селекции использовать современные молекулярно-генетические приёмы для повышения урожайности сельскохозяйственных культур. Развитие молекулярных технологий способствовало качественному совершенствованию генетики, которая лежит в основе селекции [2]. Для создания новых сортов чечевицы с комплексом хозяйственно ценных признаков необходимо глубокое изучение исходного материала.

Анализ генотипов, отобранных с помощью молекулярно-генетических маркеров, дает возможность более точно оценить генетическое разнообразие в изучаемых селекционных образцах и оценить возможное генетическое сцепление молекулярных маркеров с потенциальными генами, контролирующими хозяйственно-ценные признаки. Генотипирование растений с помощью молекулярных маркеров может проводить только специалист в лаборатории и генотип невозможно предсказать по внешнему виду растения в поле. Особый интерес представляют молекулярные маркеры, основанные на современном методе аллель-специфической количественной ПЦР (ASQ, Allele-specific qPCR), который авторы использовали ранее [3].

Целью исследования являлось разработка и применение высокоэффективных молекулярных SNP-маркеров, на основе ASQ метода для исследования генетического полиморфизма и повышения продуктивности сортообразцов из генетических коллекций чечевицы.

Методы исследований – полевые эксперименты и лабораторные исследования, которые проводили одновременно. Посев в Карагандинской области был проведен 17 мая. Подготовку поля и закладку опытов проводили в соответствии с рекомендациями КСХОС. Исследования, полевые учеты, методы оценки проводили согласно методическим указаниям по изучению коллекции зерновых бобовых культур ВИР [4]. Экспериментальные данные обрабатывали методом дисперсионного анализа по Доспехову [5]. Для молекулярно-генетических исследований были использованы базы данных NCBI, а также компьютерные программы при обработке генетической информации. Проведен биоинформатический анализ генов *LcELF3* и *LcSOC1*, контролирующих время зацветания и высоту прикрепления нижнего боба. ДНК выделяли СТАВ методом [6] и концентрацию измеряли с помощью спектрофотометра. Для секвенирования по Сэнгеру вначале проводили ПЦР амплификацию фрагментов изучаемых генов и секвенировали с помощью набора реагентов Brilliant Dye (Nima Gen) на приборе SeqStudio (Thermo Fisher Scientific). Генотипирование ASQ методом [7] проводили на приборе QuantStudio-7 (Thermo Fisher Scientific).

В полевых исследованиях, первые всходы по образцам чечевицы получены со 2 по 10 июня 2024 г. Полевая всхожесть семян в питомнике составила от 53 до 100%. Наиболее высокую полевую всхожесть имели образцы у крупносеменной чечевицы 972-1/19, 937, 939 и 936, а у мелкосеменной чечевицы - образцы 982-1/6, 928-1 и 929. Вегетационный период растений у чечевицы составил от 97 до 101 дней. Визуально проведен осмотр сортов и образцов чечевицы на устойчивость болезням и вредителям на естественном фоне. Все образцы были устойчивы к болезням и вредителям. Высота растений чечевицы варьировала от 18 до 44 см. Прикрепление нижнего боба у чечевицы составила от 9 до 20 см. По высоте прикрепления нижнего боба лучшими образцами среди крупносеменной чечевицы оказались: стандарт Шырайлы – 20 см, 972 – 19 см, 971-1 – 18 см и 973/18 – 18 см; у мелкосеменной чечевицы: стандарт Крапинка – 17 см, 977/13 – 16 см, 982-1/6 – 15 см, 985/2 – 15 см и 710 – 15 см. По комплексу хозяйственно ценных признаков выделились следующие образцы: крупносемянные - 972, 973/18, 97-1/17 и 976-1/14, а мелкосемянные – 675, 711 и 978-4/11. В рамках молекулярно-генетических исследований провели биоинформатический анализ основных генов, *LcELF3* (Early Flowering 3) и *LcSOC1* (Suppressor of Overexpression of Constans 1), контролирующих время зацветания и высоту прикрепления нижнего боба. Определены фрагменты генов, подходящие для дальнейшей молекулярной работы.

По предварительным данным гены *LcELF3* и *LcSOC1* оказались полиморфны и представлены различными аллелями и гаплотипами у изучаемых родителей и гибридных потомств. Были разработаны праймеры и проведено секвенирование по Сэнгеру продуктов амплификации ПЦР генов *LcELF3* и *LcSOC1* у образцов из коллекции чечевицы и у

родительских форм 5 гибридов. Для проведения генетического анализа были выбраны родительские формы – генотипы с разными сроками зацветания и высотой прикрепления нижнего боба: Flip-92-36L, Flip-96-48L, Крапинка, ILL-1552, Syrian Local, Веховская-1, Нива-95 и ILL-1992.

Исследование проведено в рамках проекта грантового финансирования Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан ИРН AP23489286 «Маркер-опосредованная селекция образцов мировой коллекции и гибридных популяций чечевицы по генам, контролирующим время зацветания растений и высоту прикрепления нижнего боба»

Список литературы:

1. Kumar J., Gupta S.D. Prospects of next generation sequencing in lentil breeding // Mol. Biol. Rep. – 2020. – V.47. – P.9043-9053.
2. Ribaut J.M., Hoisington D. Marker-assisted selection: New tools and strategies // Trends Plant Sci. – 1998. – V.3. – P.236-239.
3. Jatayev S., Kurishbayev A., ..., Khassanova G. et al. Advantages of Amplifluor-like SNP markers over KASP in plant genotyping // BMC Plant Biol. – 2017. – V.17. – 254.
4. Вишнякова М.А., Сеферова И.В., Буравцева Т.В. и др. Коллекция мировых генетических ресурсов зерновых бобовых ВИР: пополнение, сохранение и изучение: метод.руководство. – СПб.: ВИР. – 2018. – 143 с.
5. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). – М., 2012. – 352 с.
6. Khassanova G., Kurishbayev A., Jatayev S., et al. Intracellular vesicle trafficking genes, *RabC-GTP*, are highly expressed under salinity and rapid dehydration but down-regulated by drought in leaves of chickpea (*Cicer arietinum* L.) // Front. Genet. – 2019. – V.10. – 40.
7. Sweetman C., Khassanova G., Miller T.K., et al. Salt-induced expression of intracellular vesicle tracking genes, *CaRab-GTP*, and their association with Na⁺ accumulation in leaves of chickpea (*Cicer arietinum* L.) // BMC Plant Biol. – 2020. – V.20. – 183.

СОЗДАНИЕ НОВЫХ ФОРМ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (*Triticum durum* Desf.) С УЛУЧШЕННЫМИ КАЧЕСТВЕННЫМИ ПРИЗНАКАМИ ЗЕРНА В УСЛОВИЯХ СЕВЕРНОГО КАЗАХСТАНА

Утебаев М.У.², Хасанова Г.Ж.¹, Дашкевич С.М.², Крадецкая О.О.², Чилимова И.В.²

1 - НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.Сейфуллина» (КАТИУ), РК, Астана 010000; e-mail: hasanova-gulmira@mail.ru

2 - ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А.И. Бараева» (НПЦЗХ), РК, Шортанды 021601; phytochem@yandex.ru

Твердая пшеница (*Triticum durum* Desf.) является одной из важнейших зерновых культур в мире и занимает около 8% от всей мировой площади, засеянной пшеницей. Использование зерна твердой пшеницы в качестве продуктов питания весьма разнообразно: макаронные и хлебные изделия, спагетти (паста), в виде крупы для приготовления таких блюд как: кускус, булгур, фрике, гофио, сухие завтраки и десерты (мушабак, хариса, халва, кугель). В этой связи актуальным является получение новых сортов и линий твердой пшеницы с высокой продуктивностью и улучшенными качественными показателями. В особенности следует уделить внимание на повышение качества клейковины и содержанию желтого пигмента, которое обусловлено накоплением каротиноидных пигментов.

В соответствии с вышеизложенным были получены и размножены гибриды тетраплоидной пшеницы. Биохимический анализ зерна новых гибридов показал

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

накопление протеина в среднем на уровне 14,4% и варьировало от 12,9% до 15,4%; среднее содержание клейковины и глютен-индекс составил 23,7% и 33 ед. соответственно, SDS-седиментация от 28 до 45 мл. Содержание каротиноидов в среднем составило 0,360 мг/100 г, при максимальном значении 0,446 мг/100 г

На основе электрофореза проламинов пшеницы установлено наличие компонентов глиадина γ42 маркирующие качественную клейковину.

В ходе скрининга гибридов тетраплоидной пшеницы с высоким содержания каротиноидов, экологическое испытание которой проводится нами в условиях резко-континентального климата Северного Казахстана, с часто повторяющимися засухами, были идентифицированы модифицированные молекулярные маркеры KASP на основе выделенных SNP в целевых генах *Psy*, *Pro* и *Glu-3*. Данные маркеры основаны на разработке специфических праймерах с прикрепленными фрагментами, соответствующие флуорофорам FAM и HEX. Гены *Psy* кодируют ключевой фермент каротиногенеза – фитоинсинтазу. Гены *Pro* играют важную роль в реакциях растений на абиотические и биотические стрессы. Гены *Glu* – кодируют низкомолекулярные субъединицы глютеина и ассоциируются с высокими хлебопекарными показателями.

Работа продолжается и проводится генотипирование аллельного состава целевых генов *Psy*, *Pro* и *Glu-3* по выделенным SNP маркерам среди родительских форм.. Генотипирование будет проведено, как минимум, в двух технических повторностях. По результатам исследований проведен отбор селекционных форм с ценными характеристиками качества зерна.

Работа выполнена в рамках проекта грантового финансирования Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан ИРН АР 23485115 «KASP-маркеры при создании и изучении тетраплоидной пшеницы с повышенным содержанием каротиноидов и улучшенным качеством клейковины»

ОПТИМИЗАЦИЯ ПРОТОКОЛА СПИДБРИДИНГА ТВЁРДОЙ ПШЕНИЦЫ ЗА СЧЁТ УВЕЛИЧЕНИЯ ДОЛИ ДАЛЬНЕГО КРАСНОГО СВЕТА В СПЕКТРЕ ОПТИЧЕСКОГО ИЗЛУЧЕНИЯ

Бизякина Д.О.¹, Нагамова В.М.¹, Радзениец С.¹, Блинков А.О.¹, Минькова Я.В.¹, Свистунова Н.Ю.¹, Кочешкова А.А.¹, Яновский А.С.², Дивашук М.Г.¹

1 – ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550;

2 – ФГБНУ Национальный центр зерна имени П. П. Лукьяненко (ФГБНУ НЦЗ им. П.П. Лукьяненко), Краснодар 350012

E-mail: dasha.biz@mail.ru

Твёрдая пшеница (*Triticum durum* Desf.) является одной из важнейших зерновых культур в мире. Однако, традиционные методы селекции, направленные на получение чистых линий, отличаются высокой трудоёмкостью, что значительно замедляет селекционный процесс. Таким образом, спидбридинг выступает крайне перспективным подходом. Данный метод подразумевает создание контролируемых условий окружающей среды, которые целенаправленно ускоряют переход растений от вегетативной к генеративной фазе развития [1]. В основе системы спидбридинга ряд таких параметров, как фотопериод, температурный режим, спектральный состав, интенсивность света, влажность,

размер горшка и состав субстрата. Учитывая критически важную роль фитохромной системы в регуляции цветения, в данном исследовании основное внимание было уделено анализу применения дальнего красного света на физиологические особенности твёрдой пшеницы. Исследований на данную тематику достаточно много, но в условиях спидбридинга работы единичные, например, по тритикале [2]. **Целью** данной работы была оптимизация протокола спидбридинга твёрдой пшеницы за счёт оценки влияния качества светового спектра, в частности соотношения красного (К) и дальнего красного (ДК) света, и типа используемого субстрата.

Экспериментальные растения выращивали в трёх различных световых режимах с использованием красного света (К, 660 нм) и дальнего красного света (ДК, 730 нм): 1) К/ДК= 3,75 (К>ДК); 2) К/ДК = 0,8 (К=ДК); 3) К/ДК= 0,3 (К<ДК).

Полученные результаты наглядно продемонстрировали, что наиболее быстрое достижение фаз колошения и цветения наблюдалось при режиме К/ДК = 0,3. Конкретные данные показали, что в зависимости от типа субстрата, колошение наступало на 4,0–7,1 дня раньше, а цветение на 4,1–4,2 дня раньше по сравнению со спектром с минимальной долей дальнего красного света (К/ДК = 3,75). При промежуточном световом режиме (К/ДК = 0,8) растения зацветали на 2,6–3,6 дня раньше контрольной группы. Таким образом, можно сказать, что применение спектра с преобладанием дальнего красного света (К/ДК = 0,3) позволяет сократить вегетативный цикл твёрдой пшеницы в среднем на 4,1–4,2 дня.

Важно отметить, что использование дальнего красного света в системе спидбридинга имело определённые последствия. Выращивание растений под спектральным составом К/ДК = 0,3 привело к снижению количества зёрен в колосе и уменьшению его длины. В то же время был зафиксирован рост массы 1000 зёрен, что указывает на перераспределение ресурсов растения. Помимо сокращения периода онтогенеза, в ходе исследований была продемонстрирована регенерационная способность растений, не отличающаяся от контроля, что является критически важным фактором для успешного продолжения селекции по методу индивидуального отбора от одного зерна в рамках спидбридинга.

Исследование поддержано Российским Научным Фондом № 24-16-00274.

Список литературы:

1. A.G. Chernook, A.O. Blinkov, D.O. Bizyakina, A.G. Marenkova, A.A. Lappo, V.M. Nagamova, A.S. Zelenina, V.A. Korobkova, N.Yu. Svistunova, S. Radzeniece, A.A. Kocheshkova, M.G. Divashuk Development of speed breeding protocols for cereal crops 2025. 246.

2. А. О. Блинков, В. М. Нагамова, Я. В. Минькова, Н. Ю. Свистунова, С. Радзенице, А. А. Кочешкова, Н. Н. Слепцов, А. В. Фрейманс, В. В. Панченко, А. Г. Черноок, Г. И. Карлов, М. Г. Дивашук. Увеличение доли дальнего красного света сокращает вегетационный период тритикале в условиях спидбридинга, 2025. 29(6): 896-904.

ОСОБЕННОСТИ НАСЛЕДОВАНИЯ ПРИЗНАКОВ У РЫЖИКА ПОСЕВНОГО *CAMELINA SATIVA* (L.) CRANTZ

Веселкин А.А.¹, Козенкова П.И.², Ражина П.Л.¹, Лебедева М.В.¹, Таранов В.В.¹

1 – Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

“Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии” (ФГБНУ ВНИИСБ), 127550, Российская Федерация, Москва, ул.

Тимирязевская, д. 42

2 – Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования " Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева" (ГБОУ «РГАУ-МСХА имени К. А. Тимирязева ВО»), 127434, Российская Федерация, Москва, ул. Тимирязевская, д. 49

Введение. Рыжик посевной (*Camelina sativa*) – однолетнее растение сем. *Brassicaceae*. Рыжиковое масло исторически использовалось в пищу, а в наши дни ему нашлось ещё одно применение – производство авиационного биотоплива. Наблюдается повышенный интерес к данной культуре как со стороны производителей, так и со стороны селекционеров. За последние годы в России и других странах мира были созданы десятки новых сортов рыжика посевного: озимых и яровых. Однако селекция культуры сильно осложняется небогатым генофондом, а также гексаплоидностью вида [1]. Кроме того, для проведения успешной селекционной работы необходимо знание особенностей наследования признаков, чему и посвящена эта работа.

Во время опытов по агробактериальной трансформации у различных сортов рыжика нами были замечены нехарактерные расщепления признаков у потомков трансформантов. Мы предположили, что эти отклонения связаны с полиплоидностью культуры и могут наследоваться из поколения в поколение.

Материалы и методы. Исследовались растения 3 яровых сортов рыжика посевного селекции ВНИИМК имени В.С.ПУСТОВОЙТА: Омич, Иссилькулец и Кристалл. Растения подвергались агробактериальной трансформацией методом floral dip (погружение соцветий в суспензии агробактерий). Использовался штамм EHA105 с вектором, содержащим репортерную кассету RUBY [3] под 35s промоутером, а также ген устойчивости к гигромицину. RUBY представляет собой кассету из трёх генов, вырабатывающих пигмент свеклы беталаин. У рыжика экспрессия RUBY проявляется изменением цвета корней и семян на тёмно-красный, что позволяет легко отбирать трансгенные растения. Факт трансгеноза подтверждался методом ПЦР, а также способностью семян прорасти на MS среде с гигромицином в концентрации 22,5 мг/л, губительной для обычных растений. После пилотного эксперимента по трансформации было получено несколько тёмно-красных семян. Шесть из них были пророщены, чтобы оценить насколько признак передаётся по наследству. Среди прочих выделялось растение сорта Иссилькулец. Оно имело не только красными корни, но и семядоли. Листья и стебли растения были зелёными, но от него было в дальнейшем получено 44 тёмно-красных семени и 40 семян стандартной окраски (ржих). *Camelina sativa* является самоопылителем, и такое распределение казалось странным. Ожидалось увидеть расщепление потомства в классическом соотношении 3:1. Их этих 44 тёмно-красных семян отобрали половину, чтобы оценить расщепление признаков в следующем поколении. Статистическая обработка данных осуществлялось с использованием критерия хи-квадрат (χ^2) Пирсона.

Результаты. В результате выросло девятнадцать растений. Шесть из них, как и ожидалось, содержали локус RUBY в гомозиготном состоянии и дали семена только тёмно-красного цвета без каких-либо расщеплений. Остальные 13 растений произвели от 18 до 1055 семян обоих цветов в примерном соотношении 30:70 для каждого растения. Всего было получено 4306 красных семян и 1786 рыжих (70,7% : 29,3%). Было очевидным, что это статистически отличается от стандартного распределения 75% : 25%, и анализ хи-квадрат это подтвердил. Было выдвинуто предположение, что у это признак распределяется в соотношении 599:225 или 407:169. Это соотношения встречаются в потомстве автотетраплоидных видов со случайном хроматидным распределении или 50% кроссинговером между геном и центромерой соответственно [3]. Статистически подтвердилось соотношение 407:169. Причем теоретически ожидаемое распределение

ФГБНУ ВНИИСБ, 2025 г.

(4305:1787) отличалось от наблюдаемого всего в 1 семя! Так как растения росли в соседних горшках, отсюда можно сделать заключение, что доля перекрёстного опыления у рыжика ничтожно мала, по крайней мере в лабораторных условиях.

Вывод. У рыжика посевного моногенные признаки могут наследоваться в соотношении 70,7% : 29,3%, что характерно для автотетраплоидов. Однако рыжик – является аллогексаплоидом. Как же объяснить такое распределение? Дело в том, что геном *C. sativa* состоит из трёх субгеномов. Один из них очень похож на геном дикорастущего вида *Camelina hispida*, а два других гомологичны между собой и похожи на геном другого дикорастущего вида *Camelina neglecta* [4]. Хромосомы субгенома, похожего на *C. neglecta*, по всей видимости могут взаимодействовать между собой во время мейоза, образуя квадриллы, что характерно для автотетраплоидов. При этом нарушается закон частоты гамет, что приводит к неменделевским распределениям признаков в потомстве.

Список используемой литературы:

1. Ghidoli M, Ponzoni E, Araniti F, et al. Genetic Improvement of *Camelina sativa* (L.) Crantz: Opportunities and Challenges. *Plants* 2023,12,570 doi: 10.3390/plants12030570.
2. Yu J, Deng S, Huang H, et al. Exploring the Potential Applications of the Noninvasive Reporter Gene RUBY in Plant Genetic Transformation. *Forests* 2023,14,637 doi: 10.3390/f14030637
3. Инге-Вечтомов С.Г. Генетика с основами селекции. М.: Высш. шк. 1989
4. Mandáková T, Pouch M, Brock J, et al. Origin and Evolution of Diploid and Allopolyploid *Camelina* Genomes Were Accompanied by Chromosome Shattering. *Plant Cell*. 2019 Aug 28;31(11):2596–2612. doi: 10.1105/tpc.19.00366

СТРУКТУРА УЛЬЯНОВСКОЙ, САРАТОВСКОЙ И ТАТАРСТАНСКОЙ ПОПУЛЯЦИЙ ФИТОПАТОГЕННОГО ГРИБА *PUCCINIA GRAMINIS* F.SP. TRITICI ПО ПРИЗНАКУ ВИРУЛЕНТНОСТИ И ДНК МАРКЕРАМ

Тищенко А.А., Баранова О.А.

Государственное автономное образовательное учреждение высшего образования
«Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого»
ФГБНУ ВИЗР «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты
растений» E-mail: tishchenko_73@mail.ru

Введение. Стеблевая ржавчина (*Puccinia graminis* f. sp. tritici) (Pgt) – это фитопатогенный биотрофный гриб из отдела базидомицетов, который принадлежит к семейству Puccinia и выступает в качестве серьезной угрозы для сельского хозяйства. Патоген инфицирует множество видов злаков. В 1999 г. в Уганде отмечено появление новой агрессивной расы, получившей название Ug99 (TTKSK), которая поразила сорта пшеницы с геном Sr31, а позднее появились ее биотипы, поражающие сорта с генами Sr24 (TTKST) и Sr36 (TTTSK). Потери урожая при эпифитотии расы стеблевой ржавчины Ug99 на восприимчивых сортах достигали 80 % и более. К настоящему времени раса Ug99 распространена в странах Ближнего Востока и мигрирует к среднеазиатским странам, возможен ее занос и в Российскую Федерацию через Урал и Западную Сибирь.

Материалы. Использовали популяции *Puccinia graminis* f. sp. tritici 2022-2023 годов: Саратовскую собранную с сорта Фаворит на опытном поле ФГБНУ ФАНЦ Юго-Востока Ульяновскую популяцию патогена, собранную на опытном поле Ульяновского НИИСХ –

филиала СамНЦ РАН, о Татарстанскую популяцию с сорта Йолдыз –опытное поле ТАТ НИИСХ.

Ход работы. Актуальность Ежегодно возникают новые расы мутированного гриба, поражающего ранее устойчивые к нему сорта пшеницы. Так как производство пшеницы непосредственно вызывает значительные экономические последствия во всем мире, то актуальность исследования обусловлена необходимостью изучения генетической структуры популяций патогена по признаку вирулентности и ДНК маркерам. Цель исследования

Проанализировать структуру популяций стеблевой ржавчины *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* по признаку вирулентности и RAPD и SSR- локусам.

Результаты

1. Анализ полученных результатов показал значительное разнообразие генетических полиморфизмов внутри популяций *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, как в 2022 году, так и в 2023 году. Также было отмечено различия между популяциями из Саратовской, Ульяновской областей и Республики Татарстан, что может указывать, как о присутствии на территории Поволжья разных субпопуляций патогена, так и о возможном заносе на территорию Саратовской области вирулентных рас патогена с воздушными массами (анемохория) через Каспийское море из стран Азии.

Определены эффективные гены устойчивости к поволжским популяциям патогена: Sr2 compl, Sr13, Sr26, Sr31, Sr32, Sr35 и сочетания Sr24+31, Sr36+31, Sr26+9g, Sr17+13, Sr33+5.

В Саратовской популяции *P. graminis* f. sp. *tritici* выявлены агрессивные расы TTTTF и TTTTP. В 2023 году увеличилось количество изолятов с геном вирулентности p24, что требует контроля за селекционным процессом. Рекомендуется использовать ген Sr24 в сочетании с Sr31, Sr2, Sr26 в селекционных программах на устойчивость к стеблевой ржавчине. Отсутствие изолятов, вирулентных к Sr31 указывает на отсутствие расы Ug99 в Поволжье.

С помощью RAPD и SSR проанализирована генетическая структура популяций гриба *P. graminis* f. sp. *tritici*. Определен полиморфизм по этим локусам, а также генетическая дифференциация между популяциями гриба 2022 и 2023 годов. В 2022 году показано, что саратовская и ульяновская популяции *P. graminis* различались по вирулентности и RAPD-локусам. В 2023 году генетическая дифференциация по SSR-локусам между популяциями гриба была от средней до сильной. По RAPD-локусам между саратовской и ульяновской популяциями патогена индекс $F_{st} = 0,24$, что указывает на сильную генетическую дифференциацию. Это может быть связано с географической изоляцией и различиями в условиях обитания.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДНК МАРКЕРОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ К ПОЛЕГАНИЮ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ.

Сокибоева Д.Б., Эрнарзова Д.К., Кушанов Ф.Н.

*Институт Генетики и экспериментальной биологии растений Академии наук
Республики Узбекистан, Ташкент 100125; E-mail: durdonasogiboyeva@gmail.com*

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum* L.) — важнейшая зерновая культура, имеющая стратегическое значение в обеспечении продовольственной безопасности населения и в аграрном хозяйстве. Одной из основных целей селекции пшеницы является достижение высокой и стабильной продуктивности. Однако одним из наиболее серьезных абиотических

и биотических факторов, отрицательно влияющих на продуктивность, является полегание растений. Использование современных ДНК-маркеров для идентификации генов, контролирующих устойчивость к полеганию, изучения их влияния и оптимизации селекции с целью повышения и стабилизации урожайности в селекционных программах мягкой пшеницы является одной из актуальных научно-исследовательских задач на сегодняшний день.

В качестве основных генов, определяющих устойчивость к полеганию, идентифицированы гены, сокращающие высоту растений (гены карликовости), такие как Rht-B1, Rht-D1, Rht8 и Rht11, которые повышают механическую устойчивость стебля за счет контроля высоты растения. При выявлении таких генетических элементов эффективные результаты демонстрирует метод маркер-ассоциированной селекции (MAS). Преимущество этого метода заключается в том, что он позволяет селекционерам экономить время и ресурсы.

Геномную ДНК выделяли из тканей молодых листьев исследуемых образцов методом СТАВ и растворяли в буфере TE. ПЦР-амплификацию проводили в объеме 10 мкл. Амплифицированные фрагменты разделяли в 2,5% агарозном геле. Гель окрашивали бромистым этидием и визуализировали в УФ-свете с помощью системы визуализации гелей GelDoc Go Gel Imaging System (Bio-Rad). Для определения размера ампликонов использовали молекулярную линейку AmpliSize (Bio-Rad, США). С целью изучения данного признака в Институте генетики и экспериментальной биологии растений Академии наук Республики Узбекистан (АН РУз) проводятся исследовательские работы. В качестве исходного материала для опыта, исходя из морфобиологических особенностей, были отобраны 28 местных сортов, интрогрессивных линий и образцов российской селекции.

С целью определения генетических различий (полиморфизма) между сортами пшеницы и отбора устойчивых образцов было выбрано в общей сложности 20 SSR-праймеров и проведен ПЦР-анализ. В ходе ПЦР-скрининга было установлено, что 14 из 20 использованных SSR-маркеров являются полиморфными. Для выявления таких генетических элементов были проведены исследования с использованием метода отбора с помощью молекулярных маркеров (MAS - Marker-Assisted Selection).

По результатам анализа, у 6 образцов пшеницы было выявлено наличие аллелей наиболее надежных ДНК-маркеров (Xgwm261, Xgwm340), генетически связанных с устойчивостью. В частности, наличие этих аллелей устойчивости у сортов Омад, Граф, Веха, Шараф-100, Васса и Фаровон показало их генетическую стабильность против полегания.

Среди ДНК-маркеров, маркеры Xgwm261 и Xgwm340, основываясь на значениях PIC и He, а также на морфологических признаках, показали наиболее достоверные результаты в определении устойчивости образцов пшеницы. Полученные результаты послужат важным источником для селекционеров пшеницы в будущем при создании сортов, устойчивых к полеганию.

Список литературы.

1. Berry PM et al. Understanding and reducing lodging in cereals //Advances in agronomy. – 2004. – Т. 84. – No. 04. – pp. 215-269.
2. Fischer R. A., Stapper M. Lodging effects on high-yielding crops of irrigated semidwarf wheat //Field Crops Research. – 1987. – Т. 17. – №. 3-4. – P. 245-258.
3. Shah L. et al. Improving lodging resistance: using wheat and rice as classical examples //International journal of molecular sciences. – 2019. – Т. 20. – No. 17. – P. 4211.
4. Piñera-Chavez FJ et al. Identifying quantitative trait loci for lodging-associated traits in the wheat doubled-haploid population Avalon× Cadenza //Crop Science. – 2021. – Т. 61. – No. 4. – pp. 2371-2386.

5. Khobra R. et al. Exploring the traits for lodging tolerance in wheat genotypes: a review //Physiology and Molecular Biology of Plants. – 2019. – Т. 25. – №. 3. – P. 589-600.
6. Korzun V. et al. Genetic analysis of the dwarfing gene (Rht8) in wheat. Part I. Molecular mapping of Rht8 on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) //Theoretical and Applied Genetics. – 1998. – Т. 96. – №. 8. – P. 1104-1109
7. Börner A., Röder M., Korzun V. Comparative molecular mapping of GA insensitive Rht loci on chromosomes 4B and 4D of common wheat (*Triticum aestivum* L.) //Theoretical and Applied Genetics. – 1997. – Т. 95. – №. 7. – P. 1133-1137.
8. Bazhenov M. S. et al. Isolation of the dwarfing Rht-B1p (Rht17) gene from wheat and the development of an allele-specific PCR marker //Molecular breeding. – 2015. – Т. 35. – №. 11. – P. 213.

РАЗРАБОТКА ПОДХОДА УСКОРЕННОГО СОЗДАНИЯ СТЕРИЛЬНЫХ АНАЛОГОВ МАТЕРИНСКИХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ (*ZEA MAYS* L.) В УСЛОВИЯХ СПИДБРИДИНГА

**Симоненко Д.С., Дмитриева А.Р., Блинков А.О., Самарина М.А., Мохов Т.Д.,
Радзенице С., Дивашук М.Г**

**ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной
биотехнологии» (ФГБНУ ВНИИСБ), Москва 127550; E-mail:
theoathofscience@gmail.com**

Создание конкурентоспособных гибридов кукурузы требует постоянного ускорения селекционного процесса. Ключевым трудоемким этапом является разработка стерильных аналогов материнских линий, используемых в семеноводстве кукурузы [1]. Традиционные методы возвратных скрещиваний занимают 6–8 лет, что существенно замедляет селекционный прогресс. В связи с этим актуальна задача интеграции современных технологий, таких как спидбридинг и молекулярная селекция, для существенного сокращения сроков получения стерильных аналогов материнских линий.

В исследовании применялась технология спидбридинга для ускоренной замены цитоплазмы типов ЦМС-М (Молдавский тип) и ЦМС-С (Парагвайский тип) в инбредные линии кукурузы. Работа проводилась в контролируемых условиях климатических камер с регулируемым световым, температурным и влажностным режимами [2]. С целью исключить ожидание, связанное с досушиванием семян, их посевом и всходами использовали метод эмбриокультуры. Контроль за восстановлением генома рекуррентного родителя осуществлялся с использованием SSR-маркеров, а идентификация целевого *waxy* аллеля — методом йодного теста.

Разработанный оптимизированный протокол позволил получить пять поколений беккроссов (до уровня F₁BC₅) в течение 270 суток [2,3]. В условиях спидбридинга последовательные скрещивания с оценкой SSR-маркеров подтвердили восстановление генома рекуррентного родителя на уровне 98%. Йодный тест выявил стабильную экспрессию *waxy*-аллеля в созданных ЦМС-линиях. Оценка пыльцы по шкале Гильяровского, а также микроскопическим анализом показала полную стерильность у созданных аналогов, что подтверждает успешную замену N- цитоплазмы на стерильную.

Синергия методов спидбридинга, эмбриокультуры и маркерного отбора обеспечила сокращение селекционного процесса более чем в четыре раза по сравнению с полевыми методами. Разработана и апробирована первая в Российской Федерации методика ускоренного создания ЦМС-линий кукурузы, которая позволяет эффективно заменять

цитоплазму, сохраняя при этом стабильность характеристик исходной линии. Полученные стерильные аналоги представляют собой перспективную основу для конкурентоспособного семеноводства, а предложенный протокол может быть адаптирован для других сельскохозяйственных культур.

Данная работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Федеральная научно-техническая программа развития генетических технологий на 2019-2030 годы, соглашение № 075-15-2025-528 от 29 мая 2025 года).

Список литературы:

1. Bortiri, E., Selby, R., Egger, R., Tolhurst, L., Dong, S., Beam, K., . . . Kelliher, T. (2024). Cyto-swapping in maize by haploid induction with a *cenH3* mutant. *Nature Plants*, 10, 567-571. doi:<https://doi.org/10.1038/s41477-024-01630-1>
2. Климатические камеры ускоренного развития растений (Speed Breeding): как получить 4 поколения кукурузы (*Zea mays* L.) за год // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии. Crossref, 2024. С. 22–23.
3. Сделать спидбридинг еще быстрее: новые факторы, влияющие на сокращение вегетационного периода кукурузы (*Zea mays* L.) // 8-я Международная научная конференция (2–5 июля 2025 г., Новосибирск): тезисы докладов. ИЦиГ СО РАН, 2025.