

Министерство науки и высшего образования РФ
Российская академия наук
Правительство Республики Башкортостан
Уфимский Федеральный исследовательский центр РАН
Уфимский институт биологии УФИЦ РАН
Институт биохимии и генетики УФИЦ РАН
Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН
Уфимский университет науки и технологий
Южно-Уральский ботанический сад-институт УФИЦ РАН
Башкирский НИИ сельского хозяйства УФИЦ РАН
АНО «Центр поддержки академических инициатив»



«БИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ В ЭПОХУ ГЛОБАЛЬНЫХ ИЗМЕНЕНИЙ КЛИМАТА»

Х Съезд общества
физиологов растений России
Всероссийская научная конференция
с международным участием

Уфа, 18-23 сентября 2023 г.

ISBN 978-5-6047532-1-7



ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Уфа 2023

ББК 28.573 я431
УДК 581.1(061)
Д37

X Съезд общества физиологов растений России «Биология растений в эпоху глобальных изменений климата» (Уфа, 18-23 сентября 2023 г.): тезисы докладов. – Электрон. текстовые дан. (1 файл: 5,73 Мб). – Уфа: УИБ УФИЦ РАН, 2023. – 421 с. – Систем. требования: Adobe Reader. – Режим доступа: <https://ufa2023.ofr.su/AbstractCongressUfa2023.pdf>. – Загл. с титул. экрана.

ISBN 978-5-6047532-1-7

Сборник содержит тезисы докладов, представленных в рамках X Съезда общества физиологов растений России. Научная программа съезда отражает современный уровень состояния экспериментальной биологии растений, ориентирует ученых на будущие тенденции развития фундаментальной науки и на решение стоящих перед человечеством глобальных проблем, связанных с изменением климата. В рамках съезда представлены 18 пленарных докладов, 116 секционных докладов, 64 флэш-презентации, 148 стендовых сообщений и проведена школа молодых ученых «Генетическое редактирование растений CRISPR/Cas». Материалы съезда посвящены рассмотрению целого ряда актуальных научных направлений экспериментальной биологии растений: рост и развитие растений; сигнальные системы: от клетки к целому растению; устойчивость растений к абиотическим факторам среды; водный обмен и минеральное питание; патогенез и иммунитет растений; фотосинтез, дыхание и продукционный процесс; взаимодействие между организмами в агро- и биоценозах; биоразнообразие; физиология трансгенных растений и растений с отредактированным геномом; молекулярные основы физиологии и селекции растений; биотехнология растений; физиологические основы интенсификации растениеводства и охраны окружающей среды и феномика растений.

Вся ответственность за достоверность предоставленных в сборнике материалов несут авторы соответствующих тезисов. Тезисы публикуются без корректуры с сохранением авторской орфографии и пунктуации.

© Оформление: УИБ УФИЦ РАН, 2023

АНАЛИЗ ПАТТЕРНА МЕТИЛИРОВАНИЯ КЛЮЧЕВЫХ ГЕНОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ ПЕРЕХОД *PISUM SATIVUM* L. ОТ СЕМЕНИ К ПРОРОСТКУ

Крылова Е.А.^{1*}, Вилис П.С.², Стрыгина К.В.¹, Хлесткина Е.К.¹,
Смоликова Г.Н.², Медведев С.С.²

¹ Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова,
Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: e.krylova@vir.nw.ru

Поиск путей повышения устойчивости сельскохозяйственных растений к засухе в последние годы приобретает все большую остроту в связи с глобальными изменениями климата. В связи с этим актуальным является изучение механизмов потери устойчивости к обезвоживанию в момент перехода от прорастающих семян к проросткам. Устойчивость к обезвоживанию формируется на поздних стадиях созревания «ортодоксальных» семян и позволяет им сохранять жизнеспособность не только в покое, но и при прорастании, вплоть до инициации роста зародышевого корня. Объектом нашего исследования являлись зародышевые оси семян *Pisum sativum* L. Нами был проведен транскриптомный анализ зародышевых осей до и после инициации роста корня (doi: 10.3390/plants11131686). Выявлены кардинальные изменения паттерна экспрессии генов, контролирующей стрессоустойчивость растений. Наиболее перспективными в качестве потенциальных регуляторов для переключения программы устойчивости мы считаем АБК-зависимые факторы транскрипции ABI3, ABI4, ABI5. При помощи метода бисульфитного секвенирования мы проанализировали профиль метилирования промоторов генов *PsABI3*, *PsABI4* и *PsABI5*. Оказалось, что уровень метилирования их промоторов чрезвычайно высок как до, так и после потери устойчивости к обезвоживанию. Только в промоторе *PsABI3* около трети проанализированного участка имели сниженный уровень метилирования. Также выделялся промотор *PsABI5*, в последовательности которого выявлено большое число потенциальных сайтов связывания белков сети LAFL. Мы предполагаем, что при переходе от стадии семени к стадии проростка в зародышевых осях гороха сначала происходят эпигенетические изменения на уровне метилирования ДНК, приводящие к тому, что факторы транскрипции не могут связаться с ДНК промоторов, а затем стремительно наступает прекращение экспрессии данных генов. Исследование выполнено за счет гранта РНФ № 20-16-00086-П (<https://rscf.ru/project/20-16-00086>).

Ключевые слова: АБК-зависимые факторы транскрипции, бисульфитное секвенирование, метилирование ДНК, прорастание семян, сеть генов LAFL, устойчивость к обезвоживанию.

METHYLATION PATTERN OF KEY GENES CONTROLLING THE TRANSITION OF *PISUM SATIVUM* L. FROM SEEDS TO SEEDLINGS

Krylova E.A.², Vilis P.S.¹, Strygina K.V.², Khlestkina E.K.², Smolikova G.N.¹,
Medvedev S.S.^{1*}

¹ Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia

² Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources of Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

Key words: ABA-dependent transcription factors, bisulfite sequencing, desiccation tolerance, DNA methylation, *LAFL network genes*, seed germination