

УДК 581 (063); 575  
ББК 28.5

**«Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» (PLANTGEN 2023): тезисы докладов / Под ред. А.А. Калачева, Т.А. Горшковой, М.Л. Пономаревой; ФИЦ «КазНЦ РАН» // VII Международная научная конференция (10–15 июля 2023 г., Казань, Россия). – Казань: ФЭН, 2023. – 472 с.**

**ISBN 978-5-9690-1133-5**

**Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics, and Biotechnology (PlantGen2023): abstracts / Eds. A.A. Kalachev., T.A. Gorhkova, M.L. Ponomareva; FIC KazSC RAS // The 7th International Scientific Conference (Jule 10–15, 2023, Kazan, Russia). – Kazan: FEN, 2023. – 472 p.**

**ISBN 978-5-9690-1133-5**

Contacts email: plantgen2023@mail.ru Web-сайт Конференции: <https://plantgen2023.ofr.su>. Рекомендовано к изданию Объединенным Ученым советом ФИЦ «Казанский научный центр Российской академии наук» (Протокол №5 от 13.06.2023 г.).

Сборник содержит тезисы докладов, представленных в рамках VII Международной научной конференции «Генетика, Геномика, Биоинформатика и Биотехнология растений» (PLANTGEN 2023), которая состоялась в Казани на базе Федерального исследовательского центра «Казанский научный центр Российской академии наук».

Научная программа конференции посвящена результатам исследований в области геномных технологий, генетических ресурсов растений, физиологической и экологической генетики растений, генетики устойчивости к стрессовым факторам окружающей среды, фундаментальных и прикладных аспектов изучения организации и эволюции генома растений. Часть представленных сообщений освещает вопросы селекции в изменяющихся условиях окружающей среды, генетической инженерии, клеточной биотехнологии и улучшения сельскохозяйственных культур. Все представленные тезисы докладов отражают современный уровень состояния генетики растений, ориентируют ученых на будущие тенденции развития фундаментальной науки и прикладных исследований на решение стоящих перед нами глобальных проблем.

Для широкого круга специалистов в сфере работ с биологов, генетиков, биотехнологов, селекционеров, специалистов, занимающихся генетическими ресурсами растений, и студентов биологического и сельскохозяйственного профиля, в том числе студентов, аспирантов и молодых ученых. Тезисы публикуются в авторской редакции. За объективность и достоверность представленных данных ответственность несут авторы (соавторы) публикуемых тезисов.

The Proceedings include the abstracts of papers presented at the VII International Scientific Conference "Genetics, Genomics, Bioinformatics and Plant Biotechnology" (PLANTGEN 2023), which was held in Kazan at the Federal Research Centre "Kazan Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences".

The scientific program of the PLANTGEN 2023 conference is dedicated to the results of research in the field of genomic technologies, plant genetic resources, physiological and ecological genetics of plants, genetics of resistance to environmental stress factors, fundamental and applied aspects of studying the organization and evolution of the plant genome. Some of the submissions cover the issues of breeding under changing environmental conditions, genetic engineering, cell biotechnology, and crop improvement. The presented reports reflect the current state of plant genetics, orient scientists to future trends in the development of fundamental science and applied research to solve the global problems facing us. For a wide range of specialists in the field of works with biologists, geneticists, biotechnologists, breeders, specialists involved in plant genetic resources, and students of biological and agricultural profile, including students, postgraduates, and young scientists. Abstracts are published in the author's edition. The authors (co-authors) of published abstracts are responsible for the objectivity and reliability of the data presented.

## ***RrolB/C-like* natural transgene for phylogenetic studies of genus *Vaccinium* L.**

**Zhidkin R.R., Zhurbenko P.M.\* , Matveeva T.V.**

Saint Petersburg State University, Saint-Petersburg, Russia,

\*Komarov Botanical Institute, Russian Academy of Sciences, Saint-Petersburg, Russia

E-mail: st085586@student.spbu.ru



Various wild plant species have agrobacterial T-DNAs in their genomes, that they transmit in a series of sexual generations. That T-DNAs are called cellular T-DNAs (cT-DNAs). cT-DNAs have been found in dozens of plant genera.

In our previous work we found untypical cT-DNAs in the genome data of two *Vaccinium* L. species. These cT-DNAs contain the *rolB/C*-like gene. Here, we present a larger study of these sequences in *Vaccinium* genus. We applied molecular-genetic and bioinformatics methods for sequencing, assembly, and analysis of the *rolB/C*-like gene. We discovered *rolB/C*-like gene in 26 new *Vaccinium* species and *Agapetes serpens* (Wight) Sleumer. Most samples of these species were found to contain full-size genes. It allowed us to develop approaches for the phasing of cT-DNA alleles and reconstruct a *Vaccinium* phylogenetic relationship.

Our data demonstrate that levels of intra- and interspecific polymorphism of the *rolB/C*-like gene allow to use it as a convenient molecular marker for phylogenetic and phylogeographic studies of *Vaccinium* genus.

**The main publications of authors on the subject of the abstract:**

Matveeva T. New naturally transgenic plants: 2020 update // Biological Communications (66) 1: 36-46. doi: 10.21638/spbu03.2021.105

Zhidkin R. et al. Biodiversity of *rolB/C*-like Natural Transgene in the Genus *Vaccinium* L. and Its Application for Phylogenetic Studies // International Journal of Molecular Sciences (24) 8: 6932. doi: 10.3390/ijms24086932

### **Take-home message:**

*Vaccinium* species are naturally transgenic, containing *rolB/C*-like gene. This gene can be used as convenient molecular marker for phylogenetic and phylogeographic studies.

rolB/C-like natural transgene for phylogenetic studies of genus *Vaccinium* L.

Zhidkin R.R., Zhurbenko P.M., Matveeva T.V.



Vaccinium plants are naturally transgenic, because they contain the agrobacterial *rolB/C*-like gene

**Conclusion:** the *rolB/C*-like natural transgene can be used as molecular marker for phylogenetic and phylogeographic studies of *Vaccinium* genus.

*rolB/C*-like gene phylogenetic tree united species in accordance with the morphological system