



PLAMIC 2024

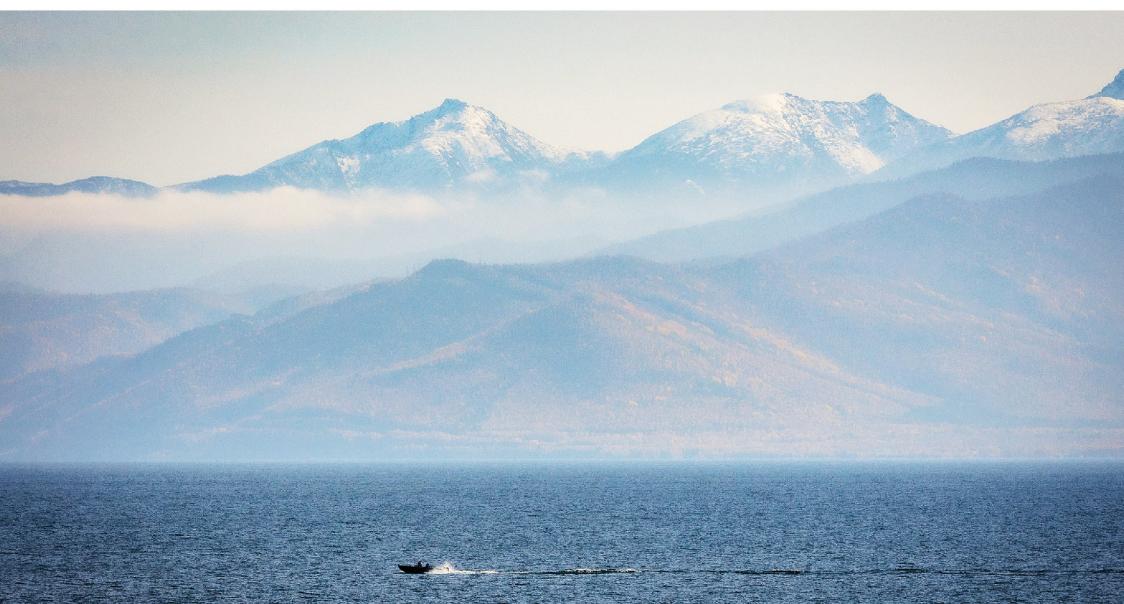


МАТЕРИАЛЫ

IV Международной научной конференции
«РАСТЕНИЯ И МИКРООРГАНИЗМЫ: БИОТЕХНОЛОГИЯ БУДУЩЕГО»

и

III Всероссийской конференции
с международным участием
«МЕХАНИЗМЫ АДАПТАЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ
К РАЗЛИЧНЫМ УСЛОВИЯМ СРЕДЫ ОБИТАНИЯ»



Байкальск, 15–22 сентября 2024 г.

Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН
Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной микробиологии
Институт биохимии и генетики РАН
Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН
Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов РАН
Иркутский институт химии им. А. Е. Фаворского СО РАН
Байкальский государственный природный биосферный заповедник

PLAMIC2024

Материалы

IV Международной научной конференции

**«РАСТЕНИЯ И МИКРООРГАНИЗМЫ:
БИОТЕХНОЛОГИЯ БУДУЩЕГО»**

и

III Всероссийской конференции с международным участием

**«МЕХАНИЗМЫ АДАПТАЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ
К РАЗЛИЧНЫМ УСЛОВИЯМ СРЕДЫ ОБИТАНИЯ»**

Байкальск, 15–22 сентября 2024 г.



УДК 58(063)
ББК 28.5л0
P44

Ответственный редактор
И. А. Тихонович

Редакционная коллегия:

Л. А. Беловежец, Г. Л. Бурыгин, З. Р. Вершинина, Л. А. Максимова,
Ю. А. Маркова, Н. В. Филинова, В. Е. Цыганов

P44 **PLAMIC2024** : материалы IV Международной научной конференции «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего» и III Всероссийской конференции с международным участием «Механизмы адаптации микроорганизмов к различным условиям среды обитания». Байкальск, 15–22 сентября 2024 г. / отв. ред. И. А. Тихонович. – Иркутск : Издательство ИГУ, 2024. – 444 с.

ISBN 978-5-9624-2307-4

В докладах представлены новейшие результаты российских и зарубежных ученых, посвященные современным исследованиям в области генетики, физиологии и биотехнологии растений и микроорганизмов, а также растительно-микробных взаимодействий. Рассматриваются вопросы современных методов селекции, генетической и клеточной инженерии, геномного редактирования растений, а также симбиотические взаимодействия растений и микроорганизмов. Обсуждается возможность использования биотехнологических методов для решения экофизиологических проблем растениеводства. Большое внимание уделяется вопросам возможности управления адаптационным потенциалом микроорганизмов для последующего практического использования в медицине, биотехнологии, сельском хозяйстве.

Предназначено для специалистов в области генетики, физиологии и биохимии растений, растительно-микробных взаимодействий, медицинской микробиологии, почвенной микробиологии, физиологии и биохимии стресса, молекулярной биологии, генетики и экологии, а также для студентов и аспирантов биологических специальностей высших учебных заведений.

УДК 58(063)
ББК 28.5л0

ISBN 978-5-9624-2307-4

© СИФИБР СО РАН, 2024

СОДЕРЖАНИЕ

IV Международная научная конференция «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего» PLAMIC2024

Секция 1. Генетика, физиология и биотехнология растений

Арабова Л. И., Чумкина Л. В., Топунов А. Ф. Роль совместного действия фитогормонов абсцизовой и индолилуксусной кислот при прорастании семян пшеницы и адаптации к стрессу	17
Артемюк А. М., Творогова В. Е., Лутова Л. А. Получение линий люцерны (<i>Medicago truncatula</i>) с потерей функции гена <i>MtWOX2</i>	20
Баймухаметова Э. А., Мусин Х. Г., Швец Д. Ю., Кулев Б. Р. Создание генно-инженерных конструкций для CRISPR/Cas редактирования гена 1-feh <i>Cichorium intybus</i> L.	21
Березина Е. В., Ларина М. В., Волынец Г. А., Сёмин А. А., Брилкина А. А. Влияние углеводного состава питательной среды на содержание фенольных соединений в каллусной и суспензионной культурах <i>Vaccinium corymbosum</i> L.	22
Бледных О. В., Роденко Н. А., Глушенков В. А., Дегтева Ю. В. Влияние импульсного магнитного поля высокой напряженности на образование супероксид-аниона этиолированными и неэтиолированными растениями пшеницы мягкой	24
Борхерт Е. В., Пушкива Е. Н., Бодров Я. В., Мазина А. С., Рыбакова Т. Ю., Мельникова Н. В., Дмитриев А. А. ДНК-маркеры для определения пола у тополей секций <i>Aigeiros</i> Duby и <i>Tacamahaca</i> Spach	26
Гайнуллина К. П., Заикина Е. А., Кулев Б. Р. Роль гена транскрипционного фактора <i>FUS3</i> в накоплении запасных белков семян у гороха	28
Ерёмин Д. И., Любимова А. В. Генетическая солеустойчивость перспективных и местных сортов овса селекции НИИСХ Северного Запада	31
Ефремова Е. П., Творогова В. Е., Лутова Л. А. Гены <i>WOX</i> современной клады и их влияние на регенерацию <i>in vitro</i>	33
Жернова Д. А., Архипов А. А., Пушкива Е. Н., Дмитриев А. А., Мельникова Н. В. Идентификация генов семейства <i>CESA</i> с использованием высококачественных сборок геномов льна	34
Жуков В. А., Зорин Е. А., Сулима А. С., Жернаков А. И., Кузьмина Д. О., Ракова В. А., Гордон М. Л., Романюк Д. А., Клюкова М. С., Ахтемова Г. А., Кулаева О. А., Штарк О. Ю., Тихонович И. А. Функциональная геномика симбиозов гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.)	37

ГЕНЫ *WOX* СОВРЕМЕННОЙ КЛАДЫ И ИХ ВЛИЯНИЕ НА РЕГЕНЕРАЦИЮ *IN VITRO*

Е. П. Ефремова, В. Е. Творогова, Л. А. Лутова

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург
efremova.bio@gmail.com

У разных видов растений способность к регенерации *in vitro* заметно различается, и во многом определяется генотипом растения. При этом помимо генотипа и физиологических особенностей растения, на этот процесс оказывают влияние многочисленные факторы, такие как свет и температура, регуляторы роста, определенный уровень pH и уровень влажности в культуральной среде. В связи с этим для каждого вида, сорта или генетической линии необходимо подбирать специфические условия культивирования *in vitro*, что осложняет разработку протоколов регенерации для широкого разнообразия видов. Понимание молекулярно-генетических механизмов, контролирующих регенерацию у растений, является не только важным шагом для изучения развития растений, но и открывает новые возможности в биотехнологии и сельском хозяйстве.

Гены семейства *WOX* (*WUSCHEL-LIKE HOMEOBOX*), кодирующие транскрипционные факторы с гомеодоменом, являются важными регуляторами клеточной пролиферации и дифференцировки у растений. Семейство генов *WOX* филогенетически подразделяется на три большие клады: современная (*WUS*), промежуточная и древняя. Представители современной клады (*WUS*, *WOX1-7*) встречаются в геномах семенных растений, а также у некоторых папоротников и преимущественно участвуют в регуляции функционирования различных типов меристем. Однако роль большинства из них в регенерации остается малоизученной.

Ранее в наших исследованиях было показано, что ген *MtWOX9-1*, представитель промежуточной клады, активирует соматический эмбриогенез как у эмбриогенной, так и у неэмбриогенной линий *M. truncatula* [The *WOX* genes ... , 2024]. Известно, что представитель современной клады, ген *MtWUS*, стимулирует соматический эмбриогенез у эмбриогенной линии *Medicago truncatula* без добавления фитогормонов в среду [WUSCHEL overexpression ... , 2021]. Мы предположили, что и другие гены *WOX* у *M. truncatula* могут оказывать влияние на соматический эмбриогенез. В рамках данного исследования мы провели агробактериальную трансформацию листовых эксплантов люцерны конструкциями со сверхэкспрессией генов *MtWOX3*, *MtWOX6-like* и оценили эффект их сверхэкспрессии на индукцию соматического эмбриогенеза и каллусообразования у эмбриогенной и неэмбриогенной линии *M. truncatula*.

Результаты, полученные в ходе наших исследований, могут оказаться полезными как для фундаментальных исследований, так и для повышения

эффективности существующих протоколов трансформации и размножения *in vitro*, что особенно важно для растений с низким регенерационным потенциалом и при получении растений с редактированным геномом.

Работа выполнена при поддержке гранта Министерства науки и высшего образования РФ на создание НЦМУ «Агротехнологии Будущего», номер соглашения – 075-15-2022-322 от 22.04.2022.

Литература

The *WOX* genes from the intermediate clade: influence on the somatic embryogenesis in *Medicago truncatula* / D. Yakovleva, E. Efremova, K. Smirnov [et al.] // Plants. 2024. Vol. 13, N 2. Art. 223. DOI: 10.3390/plants13020223

WUSCHEL overexpression promotes callogenesis and somatic embryogenesis in *Medicago truncatula* Gaertn / A. Kadri, G. De March, G. Guerineau [et al.] // Plants. 2021. Vol. 10, N 4. Art. 715. DOI: 10.3390/plants10040715

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА CESA С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ВЫСОКОКАЧЕСТВЕННЫХ СБОРОК ГЕНОМОВ ЛЬНА

**Д. А. Жернова¹, А. А. Архипов^{1,2}, Е. Н. Пушкиова¹, А. А. Дмитриев¹,
Н. В. Мельникова¹**

¹ Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта РАН,
Москва, zhernova.d@ya.ru

² Первый МГМУ им. И. М. Сеченова Минздрава России
(Сеченовский университет), Москва

Лён (*Linum usitatissimum* L.) – ценная сельскохозяйственная культура двойного назначения, из которой получают богатые лигнанами и ненасыщеннымми жирными кислотами семена и прочное натуральное волокно. Наиболее ценное и качественное льняное волокно получают из высоких и слабоветвящихся льнов-долгунцов. Так какprotoфлоэмные волокна льна должны быть прочными, но при этом сохранять эластичность, наличие лигнина в клеточных стенках волокон является нежелательным признаком. Основной каркас клеточной стенки льняного волокна составляют целлюлозные микрофибриллы, синтезируемые на поверхности мембранны целлюлозо-сингазным комплексом. Понимание генетической природы и регуляции синтеза целлюлозы в волокнах льна на разных стадиях онтогенеза и при различных условиях окружающей среды играет ключевую роль в селекционном процессе, направленном на получение сельскохозяйственно ценных генотипов.

Наше исследование нацелено на поиск генов семейства *CESA* у культурного льна. Первые попытки такого поиска [Mokshina, Gorshkova, Deyholos, 2014] на основании первой сборки генома льна [The genome of flax ..., 2012] содержали некоторые неточности из-за ошибок в сборке и