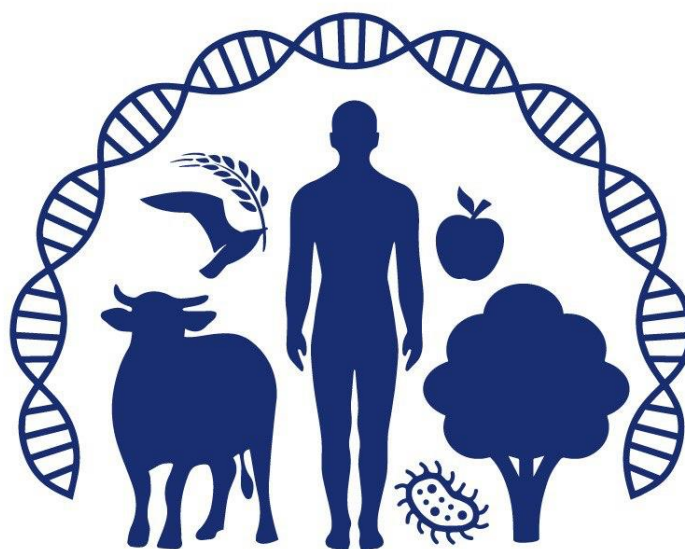




2026 | ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
РЕСУРСЫ
РОССИИ

**СБОРНИК ТЕЗИСОВ
И НАУЧНАЯ ПРОГРАММА
IV НАУЧНОГО ФОРУМА
«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»**



www.forumgenres.ru

Санкт-Петербург, 12-15 мая 2026 г.

УДК 635.65:631,523

ББК 28.04я43

C174

C174 Сборник тезисов и научная программа IV Научного Форума «Генетические ресурсы России». – М.: Издательство «Перо», 2026. – 2,03 Мб [Электронный ресурс]

ISBN 978-5-00289-045-3

В настоящем сборнике представлены тезисы докладов участников IV Научного Форума «Генетические ресурсы России», одобренные программным комитетом Форума, а также научная программа этого мероприятия. Форум прошел с 12 по 15 мая в Санкт-Петербурге на базе Санкт-Петербургского отделения Российской академии наук. Мероприятие, собравшее ведущих ученых, представителей государственной власти, молодых исследователей и специалистов в области наук о жизни, внесло значимый вклад в отечественную научную и образовательную повестку в области биологических наук и биоресурсных коллекций. Тезисы опубликованы в авторской редакции.

УДК 635.65:631,523

ББК 28.04я43

ISBN 978-5-00289-045-3

© Авторы, 2026

ОРГАНИЗАТОРЫ



СПБО РАН



ВОГиС



НС ОБН РАН
по биологическим
(биоресурсным)
коллекциям



ВИР



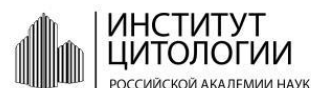
СПбГУ



ЗИН РАН



БИН РАН



ИНЦ РАН



**ФГБНУ «НИИ
АГиР им.
Д.О. Отта»**



**ФГБНУ
«МГНЦ» им.
Н.П. Бочкова**



**ФГБНУ ФИЦ
ВИЖ им.
Л.К. Эрнста)**

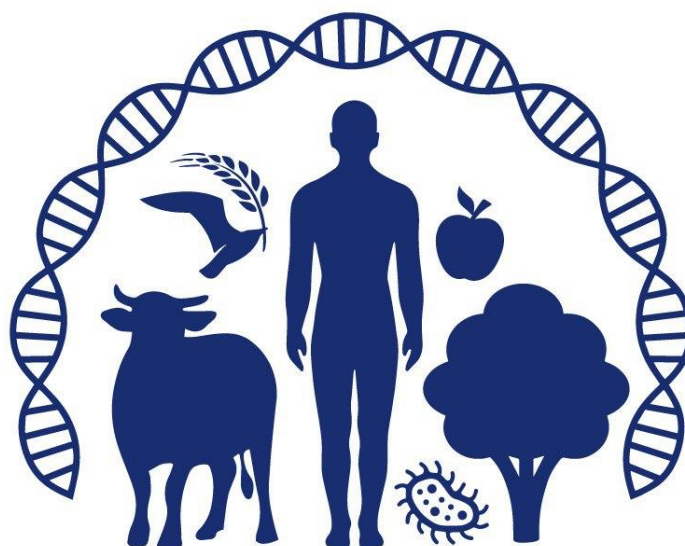


ФГБНУ ВНИИСХМ

- Национальный центр генетических ресурсов растений
- Национальный центр генетических ресурсов сельскохозяйственных животных
- Национальный центр генетических ресурсов микроорганизмов
- Центр Межрегионального Инновационного Развития (ИННО-МИР)

При поддержке:

АНО Международный центр коммуникаций в области науки, технологий и инноваций «Пи-Сфера»



2026

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
РЕСУРСЫ
РОССИИ**

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ

IV НАУЧНОГО ФОРУМА

«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»

Сопредседатели:

- Кочетов А.В., академик РАН, д.б.н., директор ИЦиГ СО РАН, президент ВОГиС
- Нижников А.А., профессор РАН, д.б.н., зав. кафедрой генетики и биотехнологии СПбГУ, вице-президент ВОГиС
- Хлесткина Е.К., член-корреспондент РАН, д.б.н., директор ВИР им. Н.И. Вавилова, вице-президент ВОГиС
- Чернецов Н.С., член-корреспондент РАН, д.б.н., директор ЗИН РАН, председатель Научного совета ОБН РАН по биологическим (биоресурсным) коллекциям

Почетный председатель:

- Тихонович И.А., академик РАН, д.б.н. научный руководитель ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, декан биологического факультета СПбГУ, почетный президент ВОГиС

Заместители председателя:

- Антонец К.С., к.б.н., профессор Кафедры цитологии и гистологии СПбГУ
- Ухатова Ю.В., к.б.н., заместитель директора ВИР им. Н.И. Вавилова, руководитель Национального центра генетических ресурсов растений

Члены комитета:

- Афонников Д.А., д.б.н., заместитель директора ИЦиГ СО РАН, ученый секретарь ВОГиС
- Белоусов М.В., к.б.н., научный сотрудник Кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ
- Беспалова О.Н., д.м.н., заместитель директора НИИАГР им. Д.О. Отта
- Гельтман Д.В., д.б.н., директор БИН РАН
- Глотов А.С., д.б.н., заведующий отделом геномной медицины имени В.С. Баранова НИИАГР им. Д.О. Отта
- Долженко В.И., академик РАН, д.с.-х.н., заместитель председателя Санкт-Петербургского отделения РАН
- Землянская И.Э., генеральный директор «ИННО-МИР»
- Зиновьева Н.А., академик РАН, д.б.н., директор ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, руководитель Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных
- Куцев С.И., академик РАН, д.м.н., директор МГНЦ им. Н.П. Бочкова
- Михайлова Н.А., д.б.н., заместитель директора Института цитологии РАН
- Томилин А.Н., член-корреспондент РАН, д.б.н., директор Института цитологии РАН
- Цыганов В.Е., д.б.н., директор ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии

СЕРЕБРЯНЫЙ СПОНСОР



Компания Синтол разрабатывает и производит реагенты, тест-системы и оборудование для выделения нуклеиновых кислот, ПЦР и ПЦР в реальном времени, секвенирования ДНК, а также предоставляет услуги по синтезу олигонуклеотидов, секвенированию ДНК и разработке наборов реагентов для молекулярно-генетической диагностики.

Сайт: <https://www.syntol.ru/>

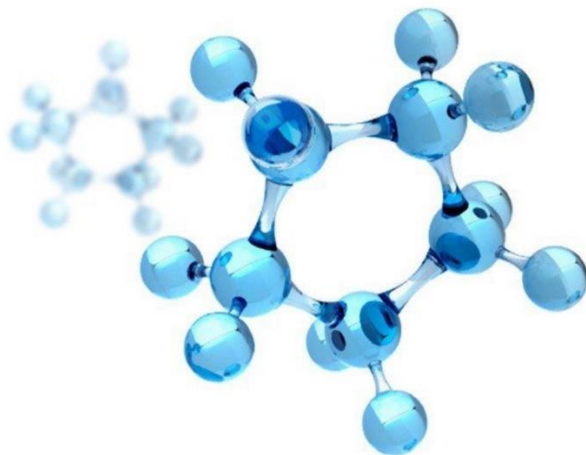


Генетический анализатор
"Нанофор 06"



Прибор для автоматического
выделения и очистки нуклеиновых
кислот на магнитных частицах
"COLIBRI"

БРОНЗОВЫЙ СПОНСОР



ООО "К-ТРЕЙД"

Компания ООО «К-Трейд» – одна из ведущих организаций на рынке аналитического, лабораторного и научного оборудования на территории республики Татарстан, занимающаяся проектированием и полным оснащением современных лабораторий, производств и исследовательских центров. Наша компания предлагает широкий ассортимент продукции ведущих производителей лабораторного оборудования и расходных материалов, а также многообразный спектр услуг высокого уровня по сервисному обслуживанию. Также наша компания уделяет большое внимание консультационной и научно-методической поддержке заказчиков.

Сайт: <https://chtrade.ru/>

ВСТУПЛЕНИЕ

Дорогие коллеги!

Среди научных мероприятий в сфере наук о жизни за прошедшие пять лет регулярный Научный Форум «Генетические ресурсы России», состоявшийся в 2022 и 2023 годах в Санкт-Петербурге, а в 2024 году – в Саратове, стал заметным событием. На его площадке собирались от 500 до 700 участников (очных и в дистанционном формате), объединенных научными идеями в сфере сохранения, развития, изучения и рационального использования генетических ресурсов России, которыми богата наша страна. Исследования генетических ресурсов на основе биологических коллекций – фундамент биоэкономики. Передовые знания в этой сфере позволяют создавать новые технологии для многих отраслей промышленности, медицины и для продовольственной безопасности.

Нынешний IV Научный Форум «Генетические ресурсы России» прошел с 12 по 15 мая 2026 года в Санкт-Петербурге на базе Санкт-Петербургского отделения Российской академии наук. Мероприятие, собравшее ведущих ученых, представителей государственной власти, молодых исследователей и специалистов в области наук о жизни, внесло значимый вклад в отечественную научную и образовательную повестку. Организаторами форума выступили Министерство науки и высшего образования Российской Федерации, Санкт-Петербургское отделение РАН, Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Научный совет Отделения биологических наук РАН по биологическим (биоресурсным) коллекциям, Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербургский государственный университет, Зоологический институт РАН, Ботанический институт имени В. Л. Комарова РАН, а также ряд других авторитетных научных учреждений.

Торжественная церемония открытия Форума состоялась 12 мая в Большом зале Санкт-Петербургского отделения РАН. Открыли Форум: от РАН - академик Виктор Иванович Долженко (заместитель председателя СПбО РАН), от Минобрнауки – член-корреспондент-РАН Вугар Алиевич Багиров (директор департамента, курирующего организацию деятельности с биоресурсными коллекциями России).

С приветственным словом к участникам обратился председатель Комитета по науке и высшему образованию Государственной Думы Российской Федерации Сергей Владимирович Кабышев, подчеркнувший

критическую важность диалога с научным сообществом. Председатель Комитета Совета Федерации по науке, образованию и культуре Лилия Салаватовна Гумерова в приветствии участникам выразила уверенность в том, что в ходе мероприятий Форума будут предложены востребованные инициативы, направленные на обеспечение технологической независимости в области генетических технологий, и пожелала ученым успехов во имя процветания страны. Высокую оценку значимости Форума дал губернатор Санкт-Петербурга Александр Дмитриевич Беглов.

Форум собрал более очных 300 участников из Санкт-Петербурга, Москвы, Новосибирска, Владивостока, Тюмени, Уфы, Якутска, Петрозаводска, Курска, Ялты, Саратова, Красноярска, Сочи, Минска и других городов. В течение четырёх дней учёные из 29 регионов России, а также Республики Беларусь, представили научному сообществу более ста устных и ряд постерных докладов, охвативших широкий спектр тем – от сохранения биологического разнообразия и технологий работы с генетическими ресурсами до активного долголетия, биоэкономики и гербарной геномики. Важно отметить, что около половины участников, с учетом обучающихся, были моложе 39 лет.

Научная программа Форума включала научные доклады по следующим направлениям:

1. Сохранение биологического разнообразия
 - 1.1. Стратегия сохранения биоразнообразия в условиях меняющегося климата
 - 1.2. Технологии сохранения генетических ресурсов
2. Генетические ресурсы для активного долголетия
3. Генетические ресурсы для биоэкономики
4. Правовые и этические вопросы работы с биологическими коллекциями
5. Подготовка кадров для работы с биологическими коллекциями
6. Гербарная и музейная геномика

По итогам работы форума его организаторы и участники выработали ряд предложений, направленных на дальнейшее совершенствование правового регулирования работы с биологическими коллекциями и связанной с ними области сохранения биоразнообразия в целом; по развитию направлений исследований в области генетики и биотехнологии в интересах развития биоэкономики и обеспечения

здорового долголетия, закреплению роли генетических ресурсов в достижении технологического лидерства России. Отдельные предложения выработаны по подготовке кадров для работы с коллекциями – как тех, кто их сохраняет и изучает, так и тех, кто использует (от биологов и экологов до селекционеров и агрономов). Чувствительной темой, требующей внимания, названо высшее образование по направлениям, касающимся изучения биоразнообразия, таким как ботаника, зоология, микробиология. Потребность в специалистах с глубокими знаниями в этих классических областях только растет, не уступая по актуальности новым научным направлениям.

В настоящем сборнике собраны тезисы устных и стендовых докладов, а также полная программа IV Научного Форума «Генетические ресурсы России». Желаем, чтобы Форум задал направления для новых проектов, совместных междисциплинарных исследований и продуктивной работы в интересах развития биологической науки и сферы биоресурсных коллекций нашей страны!

Сопредседатели Форума:

*директор ИЦиГ СО РАН академик РАН А.В. Кочетов,
заведующий кафедрой генетики и биотехнологии
им. М.Е. Лобашёва СПбГУ профессор РАН А.А. Нижников,
директор ВИР им. Н.И. Вавилова
член-корреспондент РАН Е.К. Хлесткина,
директор Зоологического института РАН
член-корреспондент РАН Н.С. Чернецов*

СОДЕРЖАНИЕ

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ ПЛЕНАРНЫХ ЗАСЕДАНИЙ	24
КОЛЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ И СИСТЕМЫ БОЛЬШИХ ДАННЫХ: ОТ ОБРАЗЦА К НОВЫМ ЗНАНИЯМ Крестов П.В.	25
ГЕНОФОНД РИСА, УСТОЙЧИВОГО К ДЛИТЕЛЬНОМУ ЗАТОПЛЕНИЮ ВОДОЙ НА РАННИХ СТАДИЯХ ОНТОГЕНЕЗА Костылев П.И., Черткова Н.Г.	26
АНАЛИЗ ПОЛНОГО ГЕНОМА ВЫЯВЛЯЕТ ЗАКОНОМЕРНОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОРОД КУР Дементьева Н.В., Щербаков Ю.С.	27
ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КОЗ (CAPRA HIRCUS) НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ПОЛНЫХ ГЕНОМОВ Денискова Т.Е., Доцев А.В., Кошкина О.А., Зиновьева Н.А.	28
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЯЧМЕНЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К КАРЛИКОВОЙ РЖАВЧИНЕ Абдуллаев Р.А., Алпатьева Н.В., Баташева Б.А., Ковалева О.Н., Малашонок А.С., Тулякова Д.Г., Радченко Е.Е.	29
УСПЕХИ И ПРОБЛЕМЫ СЕЛЕКЦИИ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К РЖАВЧИННЫМ БОЛЕЗНЯМ Гульятеева Е.И., Шайдаюк Е.Л., Левитин М.М.	30
СТРАТЕГИЯ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ EX SITU: ПЕРВЫЕ ИТОГИ Зиновьева Н.А.	31
МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЕ И АЛЬГОЛОГИЧЕСКИЕ КОЛЛЕКЦИИ РОССИИ: СОХРАНЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В БИОЭКОНОМИКЕ Куликовский М.С.	32
ИЗУЧЕНИЕ БИОРАЗНООБРАЗИЯ ЭНДОСИМБИОТИЧЕСКИХ БАКТЕРИЙ СЕВЕРНЫХ БОБОВЫХ РАСТЕНИЙ КАК ОСНОВА СОХРАНЕНИЯ И УПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТЬЮ ЭКОСИСТЕМ АРКТИКИ Карлов Д.С., Гуро П.В., Кузнецова И.Г., Сазанова А.Л., Черникова Н.В., Белимов А.А., Сафронова В.И.	33

БИОРЕСУРСНЫЕ КОЛЛЕКЦИИ СПБГУ В СВЕТЕ РАЗВИТИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ОБРАЗОВАТЕЛЬНОМ ПРОЦЕССЕ Нижников А.А.	34
ИДЕНТИФИКАЦИЯ SNP С КОМПОНЕНТНЫМ СОСТАВОМ МОЛОКА КОРОВ В МОДЕЛЬНОМ СТАДЕ НА ОСНОВЕ МЕТОДОВ BLUP и GWAS Сермягин А.А., Романова Е.А., Отрадных П.И., Игнатъева Л.П., Нарышкина Е.Н., Зиновьева Н.А.	35
ПРОБЛЕМА СОХРАНЕНИЯ ГАМЕТ САМОК СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ПТИЦ <i>IN VITRO</i> – КЛЕТКИ ИЛИ ТКАНИ? Силукова Ю.Л., Станишевская О.И.	36
ТРАНСГЕНЕРАЦИОННЫЙ ЭФФЕКТ КРИОКОНСЕРВАЦИИ СЕМЕНИ ПТИЦ НА РАЗВИТИЕ РЕПРОДУКТИВНЫХ ОРГАНОВ, ТКАНЕЙ И ГАМЕТ САМЦОВ (НА ПРИМЕРЕ <i>GALLUS GALLUS DOMESTICUS</i>) Станишевская О.И., Силукова Ю.Л.	37
ЭТИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ БИОЭКОНОМИКИ Брызгалина Е.В.	38
ЯКУТСКАЯ, ХОЛМОГОРСКАЯ И ЯРОСЛАВСКАЯ ПОРОДЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАК НЕВОЗОБНОВЛЯЕМЫЙ ГЕНЕТИЧЕСКИЙ РЕСУРС РОССИИ: ГЕНОМНЫЕ МАРКЕРЫ ХОЛОДОУСТОЙЧИВОСТИ И СТРАТЕГИЯ СОХРАНЕНИЯ Крутикова А.А., Племяшов К.В., Кузнецова Т.Ш., Беликова А.О.	39
СОХРАНЕНИЕ ГЕНОФОНДА ВИНОГРАДА В СИСТЕМЕ <i>IN VITRO</i> Павлова И.А.	40
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ФИТОТРОННО-ТЕПЛИЧНОГО КОМПЛЕКСА ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ КОЛЛЕКЦИЙ РАСТЕНИЙ Ткаченко О.В., Рязанцев Н.В.	41
КОМПЛЕКСНАЯ ГЕНОМНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МАЛОЧИСЛЕННОЙ ПОПУЛЯЦИИ ДОМАШНЕГО СЕВЕРНОГО ОЛЕНЯ: ОСНОВА СОХРАНЕНИЯ ГЕНОФОНДА Харзинова В.Р., Доцев А.В., Зиновьева Н.А.	42
КОЛЛЕКЦИЯ ПАУКООБРАЗНЫХ И МНОГОНОЖЕК ЗИН РАН КАК РЕСУРС ДЛЯ СОВРЕМЕННЫХ ИНТЕГРАТИВНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ Логунов Д.В.	43
СОЗДАНИЕ БАНКА IVР ЭМБРИОНОВ И СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТОК ГЕНОФОНДНЫХ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА Сингина Г.Н., Чинаров Р.Ю., Сермягин А.А., Шедова Е.Н., Жукова А.С., Луканина В.А., Джагоев А.Ю., Гусев И.В.	44

М6А-МЕТИЛИРОВАНИЕ РНК В МОНОЦИТАХ ПРИ РЕВМАТОИДНОМ АРТРИТЕ: СВЯЗЬ С ОТВЕТОМ НА ТЕРАПИЮ МЕТОТРЕКСАТОМ Балан О.В., Малышева И.Е., Марусенко И.М., Барышева О.Ю.	45
ПИТАТЕЛЬНЫЕ, ФИТОХИМИЧЕСКИЕ И АНТИОКСИДАНТНЫЕ СВОЙСТВА ПРОРОСТКОВ РАЗЛИЧНЫХ ОБРАЗЦОВ МАША (<i>VIGNA RADIATA</i> (L.) WILCZEK) ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР Бурляева М.О., Шеленга Т.В., Перчук И.Н.	46
ОДИН ПАЦИЕНТ — ОДНА МОДЕЛЬ: НОВАЯ ЛОГИКА И СТРАТЕГИЯ ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ БИМЕДИЦИНЫ Леонова Е.И., Сопова Ю.В....	47
КОЛЛЕКЦИЯ ПРЯНОВКУСОВЫХ И ЛЕКАРСТВЕННЫХ КУЛЬТУР ВИР: СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПОТЕНЦИАЛ Курина А.Б.	48
ОВЕС ПОСЕВНОЙ, КАК ОБЪЕКТ БИОЭКОНОМИКИ РФ Лоскутов И.Г., Блинова Е.В., Попов В.С., Шеленга Т.В.	49
ИПСК И БАЗАЛЬНЫЕ КЛЕТКИ ЛЕГКИХ В СОСТАВЕ БИОБАНКА: ПЛАТФОРМА ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИИ НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ Кондратьева Е.В.	50
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ДРОЗОФИЛЫ КАФЕДРЫ ГЕНЕТИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ СПбГУ В ОБРАЗОВАТЕЛЬНОМ ПРОЦЕССЕ Барабанова Л.В., Грудкова Д.М., Голубкова Е.В.	51
ИНТЕГРАЦИЯ ПРИНЦИПОВ ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ МЕДИЦИНЫ И ПАЦИЕНТОРИЕНТИРОВАННОГО ПОДХОДА В ОБРАЗОВАТЕЛЬНУЮ ПРОГРАММУ БГМУ Великомолова Ю.Б., Миннихметова А.И., Ахмадеева Л.Р.	52
СОТРУДНИК В КОЛЛЕКЦИЮ КЛЕТОЧНЫХ КУЛЬТУР. НАЙТИ И НЕ ПОТЕРЯТЬ Кольцова А.М., Хотин М.Г., Малашичева А.Б., Михайлова Н.А.	53
ПОДГОТОВКА КАДРОВ ВЫСШЕЙ КВАЛИФИКАЦИИ ДЛЯ РАБОТЫ С БИОЛОГИЧЕСКИМИ КОЛЛЕКЦИЯМИ В ЖИВОТНОВОДСТВЕ: ИТОГИ ТРИДЦАТИЛЕТИЯ Ершова А.И., Зиновьева Н.А.	54
СИСТЕМНАЯ ПОДГОТОВКА И ПЕРЕПОДГОТОВКА ПРОФЕССИОНАЛЬНЫХ КАДРОВ НА БАЗЕ БРЦ «КОЛЛЕКЦИЯ ИЭГМ» Ившина И.Б., Куюкина М.С., Криворучко А.В., Плотницкая Н.А.	55
АНАЛИЗ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ВЫМЕРШЕГО РОССИЙСКОГО ЭНДЕМИКА – СТЕЛЛЕРОВА БАКЛАНА <i>URILE</i>	

<i>PERSPICILLATUS</i> Стариков И.Ю., Флоренская Л.К., Иванова А.О., Боцманов Е.И., Крицкий А.А., Высоцкий В.Г., Пантелеев А.В., Северинов К.В.	56
АРХЕОГЕНЕТИКА ЯРОСЛАВСКОГО СКОТА: АНАЛИЗ ДИНАМИКИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИЗМЕНЕНИЙ Абдельманова А.С., Форнара М.С., Яворская Л.В., Энговатова А.В., Зиновьева Н.А.	57
ДНК ШТРИХКОДИРОВАНИЕ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ НА ОСНОВЕ NGS- СЕКВЕНИРОВАНИЯ ОБРАЗЦОВ ИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ИМЕНИ Н. И. ВАВИЛОВА – ПРОИСХОЖДЕНИЕ ПОЛИПЛОИДОВ И ГИБРИДОВ КУЛЬТИВИРУЕМЫХ РАСТЕНИЙ Гнутиков А.А., Носов Н.Н., Пунина Е.О., Блинова Е.В., Ковалева О.Н., Сафонова И.В., Лоскутов И.Г., Родионов А.В.	58
ДНК ШТРИХКОДИРОВАНИЕ СЛЕДУЮЩЕГО ПОКОЛЕНИЯ НА ОСНОВЕ NGS-СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕРБАРНЫХ ОБРАЗЦОВ И ОБРАЗЦОВ ИЗ ЖИВОЙ КОЛЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ БОТАНИЧЕСКОГО САДА ПЕТРА ВЕЛИКОГО Родионов А.В., Гнутиков А.А., Домашкина В.В., Носов Н.Н., Пунина Е.О., Романова Е.Л., Сухов А., Шульженко И.Н., Калугин Ю.Г., Шнеер В.С.	59
КОЛЛЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ В КОНТЕКСТЕ ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ (НА ПРИМЕРЕ ЯЧМЕНЯ) Семилет Т.В., Чухина И.Г., Ковалева О.Н., Шипилина Л.Ю., Швачко Н.А., Хлесткина Е.К.	60
ПРОТОЧНАЯ ЦИТОМЕТРИЯ РАСТЕНИЙ В ИССЛЕДОВАНИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ: ВОЗМОЖНОСТИ, ПЕРСПЕКТИВЫ, ПРОБЛЕМЫ Скапцов М.В.	61
СПОСОБ ПОВЫШЕНИЯ КАЧЕСТВА ОЦЕНКИ СЕЛЕКЦИОННОГО МАТЕРИАЛА ЛУНОЧНОГО ПОСЕВА ЛЬНА-ДОЛГУНЦА Симагин А.Д., Симагина А.С., Середа П.А., Вертикова Е.А.	62
ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ВИРУСА МОЗАИКИ ЛИСОХВОСТА (FoMV) ДЛЯ VIGS У ПШЕНИЦЫ Груздев И.В., Полховская Е.С., Болотина А.А., Москалев Е.А., Киров И.В.	63
ПРОВЕДЕНИЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ В УСЛОВИЯХ ПРАВОВОГО РЕГУЛИРОВАНИЯ БИОРЕСУРСНЫХ ЦЕНТРОВ И БИОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ Щербакова В.А., Кочкина Г.А., Иванов С.В.	64

БИОРЕСУРСНЫЕ КОЛЛЕКЦИИ СРЕДНЕГО УРАЛА В ОБЕСПЕЧЕНИИ ТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО СУВЕРЕНИТЕТА В СЕЛЬСКОМ ХОЗЯЙСТВЕ РОССИИ Сайнакова А.Б., Макаренко С.А.	65
КОЛЛЕКЦИИ ПЕРВИЧНЫХ КУЛЬТУР КЛЕТОК: БАНКИРОВАНИЕ, КУЛЬТИВИРОВАНИЕ И ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ПАТОЛОГИЙ ЧЕЛОВЕКА Малашичева А.А., Флорен Д.Д., Кольцова А.М.	66
БИОРЕСУРСНЫЙ ЦЕНТР «КОЛЛЕКЦИЯ МОРСКИХ МИКРООРГАНИЗМОВ ТИБОХ ДВО РАН» - НАУЧНАЯ ПЛАТФОРМА ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ МИКРОБНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ОКЕАНА И РАЗВИТИЯ ПРИРОДОПОДОБНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ Исаева М.П.	67
ИНВАЗИЯ ГИГАНТСКИХ БОРЩЕВИКОВ: ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ HERACLEUM SOSNOWSKYI И РОДСТВЕННЫХ ВИДОВ ДЛЯ УТОЧНЕНИЯ МЕЖВИДОВЫХ ВЗАИМОСВЯЗЕЙ И ТЕРРИТОРИАЛЬНОГО РАСПРОСТРАНЕНИЯ Логачева М.Д., Птицына Е.В., Гладилин А.А., Ежова М.А., Дудов С.В., Лысков Д.В., Пенин А.А., Чернягина О.А., Гельтман Д.В.	68
ГЕРБАРИИ ГРИБОВ – МОЛЧАЛИВОЕ ХРАНИЛИЩЕ ДАННЫХ, СОКРОВИЩНИЦА ТАЙНЫХ ЗНАНИЙ ИЛИ НЕОБХОДИМАЯ ТОЧКА ОТСЧЁТА В СОВРЕМЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЯХ В МИКОЛОГИИ? Волобуев С.В.	69
КОЛЛЕКЦИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ХМЕЛЯ В СИСТЕМЕ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ И ПИТОМНИКОВОДСТВА Мироненко О.Н.	70
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ДЛЯ РАСШИРЕНИЯ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ Рогозина Е.В., Алпатьева Н.В., Гурина А.А., Иванова Е.А., Чалая Н.А.	71
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КУЛЬТИВИРУЕМОГО КАРТОФЕЛЯ НА ОСНОВЕ ИЗУЧЕНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА ХЛОРОПЛАСТНОЙ ДНК ОБРАЗЦОВ ГЕРБАРИЯ ВИР И ПОЛЕВЫХ ГЕНБАНКОВ Гавриленко Т.А., Оськина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Рыбаков Д.А., Клименко Н.С., Костина Л.И., Новикова Л.Ю.	72
РАЗВИТИЕ НОВЫХ ПОДХОДОВ К СОХРАНЕНИЮ ИДЕНТИФИЦИРОВАННОГО ГЕНОФОНДА СОРТОВ ВЕГЕТАТИВНО	

РАЗМНОЖАЕМЫХ КУЛЬТУР – НА ПРИМЕРЕ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ И МАЛИНЫ Гавриленко Т.А., Дунаева С.Е., Антонова О.Ю., Рыбаков Д.А., Камнев А.М., Оськина Н.А., Чухина И.Г.	73
ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГРИБОВ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ ПО СИМБИОТИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ С ПРИМЕНЕНИЕМ ОМИКСНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ Юрков А.П., Крюков А.А., Вавулина (Кудряшова) Т.Р., Косульников Ю.В., Косульникова А.И., Беляева А.И., Шишова М.Ф.	74
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ГУАРА: ИЗ НИШЕВОЙ КУЛЬТУРЫ В ЛИДЕРЫ РЫНКА Вишнякова М.А., Дзюбенко Е.А.	75
ОСОБЕННОСТИ СОЗДАНИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОРЕСУРСНЫХ КОЛЛЕКЦИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ВРОЖДЕННЫХ КОЛЛЕКЦИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ВРОЖДЕННЫХ ЗАБОЛЕВАЙ СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТОЙ СИСТЕМЫ У ДЕТЕЙ Мельник О.В., Фетисова С.Г.	76
ВОЗМОЖНОСТИ КОМПЛЕКСНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОМАТЕРИАЛА ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ ПРИ ИЗУЧЕНИИ НЕЙРОЭНДОКРИННЫХ ОПУХОЛЕЙ Цой У.А.	77
СЕТЕВАЯ БИОРЕСУРСНАЯ КОЛЛЕКЦИЯ В ОБЛАСТИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА КАК ИСТОЧНИК ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ МИКРООРГАНИЗМОВ ДЛЯ РАЗВИТИЯ БИОЭКОНОМИКИ В РОССИИ (ТРАДИЦИИ И ИННОВАЦИИ) Цыганов В.Е., Сафронова В.И.	78
ПАНГЕНОМНЫЙ ИНСТРУМЕНТАРИЙ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТОВ ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ СВОЙСТВ МИКРООРГАНИЗМОВ Антонец К.С., Шиков А.Е., Романенко М.Н., Нижников А.А.	79
ГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ СОХРАНЕНИЯ ПОПУЛЯЦИИ КАШТАНА ПОСЕВНОГО <i>CASTANEA SATIVA</i> MILL. Жебентяева Т.Н., Крутовский К.В., Шипилина Л.Ю., Хлесткина Е.К.	80
РОЛЬ КРИОКОНСЕРВАЦИИ ГАМЕТ И ЭМБРИОНОВ В РЕАЛИЗАЦИИ РЕПРОДУКТИВНОГО ПОТЕНЦИАЛА ЧЕЛОВЕКА Комарова Е.М., Лесик Е.А., Ищук М.А.	81

ИССЛЕДОВАНИЯ В ОБЛАСТИ НАРУШЕНИЙ ЛИПИДНОГО ОБМЕНА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИНФРАСТРУКТУРЫ БИОБАНКОВ И АКТИВНОЕ ДОЛГОЛЕТИЕ Мешков А.Н.	82
ДЕНДРОГЕНОМИКА И ПРОГНОСТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ АДАПТАЦИИ В КОНТЕКСТЕ ИЗМЕНЕНИЯ КЛИМАТА - НОВЫЕ ПОДХОДЫ ДЛЯ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ Крутовский К.В.	83
РОЛЬ КОЛЛЕКЦИЙ МИКРООРГАНИЗМОВ В ПРОМЫШЛЕННОМ ПРОИЗВОДСТВЕ КИСЛОМОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ Фоменко О.Ю.	84
ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ В ФОРМАТЕ ФЛЭШ-ПРЕЗЕНТАЦИЙ	85
SARS MARKERS ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНА <i>HVGA20OX2</i> , АССОЦИИРОВАННОГО С ВЫСОТОЙ РАСТЕНИЙ ЯЧМЕНЯ Поротников И.В., Лукина К.А., Антонова О.Ю., Ковалева О.Н.	86
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РЕСУРСНОГО ПОТЕНЦИАЛА ПЕТЕРГОФСКОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ ШТАММОВ <i>CHLAMYDOMONAS</i> <i>REINHARDTII</i> СПБГУ В ИЗУЧЕНИИ ФАКТОРОВ ТРАНСКРИПЦИИ СЕМЕЙСТВА GATA Виролайн П.А., Нерезенко А.М., Чекунова Е.М., Нижников А.А.	87
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КАРЛИКОВЫХ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА <i>Helianthus annuus</i> L. КОЛЛЕКЦИИ ВИР Рязанова М.К., Гаврилова В.А., Анисимова И.Н.	88
РИЗОБИОФАГИ АГРОЦЕНОЗА: ГЕНОМНЫЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ Козлова А.П., Горбунова М.К., Румянцева М.Л.	89
РАЗНООБРАЗИЕ ОВСА ИЗ СРЕДИЗЕМНОМОРСКОГО ЦЕНТРА ПРОИСХОЖДЕНИЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К МУЧНИСТОЙ РОСЕ Османов Э.Н., Лоскутов И.Г., Абдуллаев Р.А.	90
ПАНГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ФИТОПАТОГЕНА ЛЬНА <i>Colletotrichum lini</i> Иванкина Е.А., Каплун А.М., Рожмина Т.А., Дворянинова Е.М., Пушкина Е.Н., Мельникова Н.В., Дмитриев А.А.	91
УСТАНОВЛЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ, ЛЕЖАЩИХ В ОСНОВЕ ФОРМИРОВАНИЯ КАЧЕСТВЕННОГО ВОЛОКНА И УСТОЙЧИВОСТИ К ПОЛЕГАНИЮ У ЛЬНА (<i>Linum usitatissimum</i> L.) Крупская Д.А.,	

Москаленко О.Д., Рожмина Т.А., Пушкова Е.Н., Дмитриев А.А., Мельникова Н.В.	92
ХАРАКТЕРИСТИКА КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА БОЛЬНЫХ КОЛОРЕКТАЛЬНЫМ РАКОМ В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ Баранова Е.Д., Дружинин В.Г.	93
МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ТРЕМАТОД РОДА <i>DIPLOSTOMUM</i> von NORDMANN, 1832 – ПАРАЗИТОВ СО СЛОЖНЫМ ЖИЗНЕННЫМ ЦИКЛОМ Лебедева Д.И., Зайцев Д.О.	94
СОЗДАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ БИОМАТЕРИАЛОВ ОТ ПАЦИЕНТОВ С ЭПИЛЕПТИЧЕСКОЙ ЭНЦЕФАЛОПАТИЕЙ РАЗВИТИЯ, ОБУСЛОВЛЕННОЙ ВАРИАНТАМИ В ГЕНЕ <i>CHD2</i> Фонова Е.А., Зуев А.С., Скрябин Н.А.	95
ПРОГРАММА «МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА ВРОЖДЕННОГО ИХТИОЗА»: ДВА ГОДА ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ ПОМОЩИ Панкратова С.А., Ленина О.Р., Мартыненко Н.А., Васильева Т.А., Марахонов А.В., Зинченко Р.А.	96
КЛИНИКО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА РАЗЛИЧНЫХ ФОРМ АЛЬБИНИЗМА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ Ионова С.А., Жмурова- Кривенцова А.А., Кулагин А.С., Васильева Т.А., Марахонов А.В., Кадышев В.В., Зинченко Р.А.	97
ВОССТАНОВЛЕНИЕ ПОЛНОГЕНОМНЫХ ДАННЫХ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ЛОКАЛЬНЫХ РЕФЕРЕНСНЫХ ПАНЕЛЕЙ Чинаров К.Ю.	98
ЭКЗОСОМЫ ФОЛЛИКУЛЯРНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ПОВЫШАЮТ РЕЗУЛЬТАТИВНОСТЬ ПОЛУЧЕНИЯ ЭМБРИОНОВ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА В УСЛОВИЯХ IN VITRO Шедова Е.Н., Сингина Г.Н., Узбекова С.В., Узбеков Р.	99
phiLM21 ПОДОБНЫЕ ПРОФАГИ КАК ИСТОЧНИК СКРЫТОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА <i>SINORHIZOBIUM MELILOTI</i> Владимирова М.Е., Румянцева М.Л.	100
ПРОТЕКТОРНОЕ ДЕЙСТВИЕ АНТОЦИАНОВОЙ РЖИ В ТЕСТ-СИСТЕМЕ <i>DROSOPHILA MELANOGASTER</i> Прохоренко Н.И., Голубкова Е.В.	101

ОЦЕНКА ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СВОЙСТВ ЗЕРНА АНТОЦИАНОВО ОКРАШЕННЫХ ГОЛОЗЕРНЫХ ПШЕНИЧНО-ПОЛБЯНЫХ ГИБРИДОВ Молобекова К.А., Гордеева Е.И., Шоева О.Ю.	102
ЗЕРНО СОРТА РЖИ ГРАФИНЯ ДЕМОНИСТРИРУЕТ ВЫСОКИЙ ПОКАЗАТЕЛЬ АНТИОКИСЛИТЕЛЬНОЙ СПОСОБНОСТИ И ЕГО БОЛЬШУЮ ВНУТРИПОПУЛЯЦИОННУЮ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ Рычалина А.В., Зыкин П.А., Цветкова Н.В., Буланов А.Н., Андреева Е.А. , Войлоков А.В.	103
ГЕНЫ, УЧАСТВУЮЩИЕ В БИОСИНТЕЗЕ КУМАРИНОВ ДОННИКА (<i>MELILOTUS MILL.</i>): ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ Захарчевный И.Г., Попов В.С., Иноземцева А.В., Малышев Л.Л.	104
СОЗДАНИЕ ВЕКТОРНОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ПРОВЕРКИ СТРУКТУРЫ МОДИФИЦИРОВАННОГО ЗАПАСАЮЩЕГО БЕЛКА ГОРОХА ПОСЕВНОГО (<i>PISUM SATIVUM L.</i>) Яжгур А.А., Храмов Д.Д., Скребенков Е.А., Павлова О.А., Богомаз Д.И.	105
КАРИОГЕНОМИКА <i>SALVIA GRANDIFLORA</i> ETL. Кальнюк Ю.В., Юркевич О.Ю., Семенов А.Р., Зошук С.А., Амосова А.В., Муравенко О.В.	107
ВАРЬИРОВАНИЕ СОСТАВА ЛЕТУЧИХ КОМПОНЕНТОВ В ЛИСТЬЯХ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ СОРТОВ БАЗИЛИКА (<i>OCIMUM BASILICUM L.</i> , <i>O. ×</i> <i>CITRIODORUM VIS.</i> , <i>O. MINIMUM L.</i>) В УСЛОВИЯХ СИТИ-ФЕРМЫ И ОТКРЫТОГО ГРУНТА Аникина Д.С., Широкова А.В., Ружицкий А.О., Дмитриева В.Л., Дмитриев Л.Б., Харченко В.А., Буторина Н.Н., Шевкунов А.Б., Джатдоева С.А.	108
ПЦР-АНАЛИЗ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К АНОКСИИ У СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ РИСА Черткова Н.Г., Костылев И.И.	110
БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ ПОДХОД К РАЗРАБОТКЕ МАРКЕРОВ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ФИТОФТОРОЗУ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ КАРТОФЕЛЯ Гурина А.А., Иванова Е.А., Алпатьева Н.В., Рогозина Е.В.	111
ОЦЕНКА СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К Y-ВИРУСУ КАРТОФЕЛЯ И НАЛИЧИЕ ДНК-МАРКЕРОВ <i>R_γ</i> -ГЕНОВ Кржижановский Д.А., Киру С.Д., Рогозина Е.В.	112
ПОИСК ЭФФЕКТИВНЫХ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ <i>Rpi-blb1</i> И <i>R8</i> У ГИБРИДОВ КАРТОФЕЛЯ Иванова Е.А., Алпатьева Н.В., Рогозина Е.В.	113

СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ОЦЕНКА МИССЕНС-МУТАЦИЙ ГЕНОВ СИМБИОЗА СОИ Бобров В.А., Ткаченко О.В., Бурыйгин Г.Л.	114
ВЛИЯНИЕ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ ПРЕПАРАТОМ УЛЬТРАСТИМ НА ПРОДУКТИВНОСТЬ СОИ В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОЙ ЯКУТИИ Слепцов Т.С., Сеферова И.В., Новикова Л.Ю.	115
КРИПТИЧЕСКИЕ (НЕСИМБИОТИЧЕСКИЕ) ПЛАЗМИДЫ КЛУБЕНЬКОВЫХ БАКТЕРИЙ КАК ПРИВЛЕКАТЕЛЬНАЯ МИШЕНЬ ДЛЯ ВСТРАИВАНИЯ ФАГОВ Саксаганская А.С., Владимирова М.Е., Козлова А.П., Мунтян В.С., Румянцева М.Л.	116
ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПОЗИЦИОННЫХ КАНДИДАТНЫХ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ФОРМИРОВАНИЕМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ КОРОВ АЙРШИРСКОЙ ПОРОДЫ Романова Е.А., Тулинова О.В., Сермягин А.А.	117
ТЕЗИСЫ ПОСТЕРНЫХ ДОКЛАДОВ	118
АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА <i>Roseal</i> (R2R3-MYB), КОНТРОЛИРУЮЩЕГО БИОСИНТЕЗ АНТОЦИАНОВ У ЛЬВИНОГО ЗЕВА (<i>Antirrhinum majus</i> L.) Барабанов И.В., Васильева М.В., Рахмангулов Р.С.	119
РЕЗУЛЬТАТЫ ПРИМЕНЕНИЯ ЦЕЛЕВОЙ ПРОГРАММЫ ДИАГНОСТИКИ ДИСГЕНЕЗОВ ПЕРЕДНЕГО ОТРЕЗКА ГЛАЗА В ФГБНУ «МГНЦ» Васильева Т.А., Кривенцова-Жмурова А.А., Кадышев В.В., Кузнецова С.В., Марахонов А.В., Зинченко Р.А.	120
ГОСУДАРСТВЕННАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ФИТОПАТОГЕННЫХ КАРАНТИННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ ФГБУ «ВНИИКР» (ГКФКМ) Гарибян Ц.С., Соловьев А.А.	121
РАЗНООБРАЗИЕ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ В СЕМЕНАХ АДЗУКИ (<i>VIGNA ANGULARIS</i> (WILD.) OHWI&OHASHI) ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР Демидова Е.Н., Соловьева А.Е., Бурляева М.О.	122
УЧАСТИЕ YB-1 В РЕГУЛЯЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ Дорохович В.А., Шувалов А.В., Лябин Д.Н., Алкалаева Е.З.	123
ЭФФЕКТИВНОСТЬ ISSR- МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ТРАВЯНИСТЫХ ПИОНОВ (<i>PAEONIA</i> L.) КОЛЛЕКЦИИ ВИР Иванов А.А., Васильева М.В., Рахмангулов Р.С.	124
СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ ОЦИФРОВКИ ОРНИТОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ РОССИИ Калякин М.В.	125

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ЛУКА (<i>A. CEPА</i> × <i>A. FISTULOSUM</i>), УСТАНОВЛЕННЫЕ В РЕЗУЛЬТАТЕ ЦИТОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ Кан Л.Ю., Ермолаев А.С., Широкова А.В., Домблидес А.С.....	126
ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕРБАРНОЙ КОЛЛЕКЦИИ ОБРАЗЦОВ ВИКИ (<i>VICIA L.</i>) С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ Карпова Н.С., Александрова Т.Г., Таловина Г.В., Швачко Н.А., Семилет Т.В., Вишнякова М.А.....	127
СОВРЕМЕННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ БИОМОНИТОРИНГА ПОВЕРХНОСТНЫХ ВОД -ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ NGS ПОДХОДОВ (НА ПРИМЕРЕ МИКРОВОДОРОСЛЕЙ) Кезля Е.М., Куликовский М.С.....	128
ХАРАКТЕРИСТИКА ИНТРОДУЦИРОВАННОГО МАТЕРИАЛА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ГРИБНЫМ БОЛЕЗНЯМ Коваленко Т.В.	129
ОЦЕНКА БИОРАЗНООБРАЗИЯ ЗАКВАСОК ДЛЯ ХЛЕБОПЕКАРНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ Локачук М.Н., Савкина О.А., Мартиросян В.В.	130
ИЗМЕНЕНИЯ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА В ПАХОТНЫХ ПОЧВАХ КРИОЛИТОЗОНЫ В СВЯЗИ С ПЕРЕХОДОМ ИХ В ЗАЛЕЖНОЕ СОСТОЯНИЕ (НА ПРИМЕРЕ ЯМАЛО-НЕНЕЦКОГО АВТОНОМНОГО ОКРУГА) Ма Цзялу, Абакумов Е.В., Низамутдинов Т.И., Сиджонг Янг, Ксяодонг Ву	131
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ ГЕННОГО БАНКА В БЕЛАРУСИ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ Матыс И.С., Маркевич И.М.....	132
<i>IN SILICO</i> АНАЛИЗ ГЕНА <i>FAMUВ5</i> , РЕГУЛИРУЮЩЕГО СИНТЕЗ ЛИМОННОЙ КИСЛОТЫ В ПЛОДАХ ЗЕМЛЯНИКИ Межина К.М., Крылова Е.А., Тихонова Н.Г.	133
МОЛЕКУЛЯРНОЕ МАРКИРОВАНИЕ S-ЛОКУСА САМОНЕСОВМЕСТИМОСТИ У РЕГЕНЕРАНТОВ КАПУСТЫ, ПОЛУЧЕННЫХ В КУЛЬТУРЕ МИКРОСПОР <i>IN VITRO</i> Минейкина А.И., Домблидес А.С., Бондарева Л.Л., Домблидес Е.А.....	134
ТЕХНОЛОГИИ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА ПРИ БИОБАНКИРОВАНИИ ОПУХОЛЕВЫХ ОБРАЗЦОВ Миниахметова А.И., Великомолова Ю.Б.	135

ИЗМЕНЧИВОСТЬ КОЭФФИЦИЕНТА ФОТОПЕРИОДИЧЕСКОЙ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ (КФПЧ) У ЛИНИЙ КАРТИРУЮЩЕЙ ПОПУЛЯЦИИ ЛЬНА Нигамадянов А.Р., Антонова О.Ю., Брач Н.Б.	136
ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ МИКРОБИОМА ОСНОВНЫХ ТИПОВ ПОЧВ ЯМАЛО-НЕНЕЦКОГО АВТОНОМНОГО ОКРУГА Абакумов Е.В., Низамутдинов Т.И., Янг Сиджонг, Ву Ксяодонг, Кимеклис А.К., Гладков Г.В.	137
ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ ГРЕЧИХИ ПОСЕВНОЙ ДЛЯ ЗЕМЛЕДЕЛЬЧЕСКИХ ЗОН КРАСНОЯРСКОГО КРАЯ Никитина В.И.	138
ОЦЕНКА ГЕРОПРОТЕКТОРНОГО ПОТЕНЦИАЛА ЦВЕТНОЗЕРНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ ТАТАРСКОЙ СЕЛЕКЦИИ КАК ГЕНЕТИЧЕСКОГО РЕСУРСА ДЛЯ АКТИВНОГО ДОЛГОЛЕТИЯ НА МОДЕЛИ <i>DROSOPHILA MELANOGASTER</i> Нурасов Р.И., Костенко В.В., Баранова Н.Б.	139
ЦИФРОВАЯ КАФЕДРА СЕЧЕНОВСКОГО УНИВЕРСИТЕТА КАК ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЙ ПРОЕКТ ПО РАБОТЕ С БАЗАМИ ДАННЫХ И ОНЛАЙН ИНСТРУМЕНТАМИ БИОИНФОРМАТИКИ Орлов Ю.Л., Савина Е.А., Сафрыгина А.А., Лебедев Г.С., Анашкина А.А.	140
ФОРМИРОВАНИЕ, ПОПОЛНЕНИЕ И ВЕДЕНИЕ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ БАКТЕРИЙ В НАУЧНО-МЕТОДИЧЕСКОМ ОТДЕЛЕ БАКТЕРИОЛОГИИ ФГБУ «ВНИИКР» Панченко К.В., Словарева О.Ю.	141
МЕТОД SDS ЭЛЕКТРОФОРЕЗА БЕЛКОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ КОЛЛЕКЦИЙ СЕМЯН НА ПРИМЕРЕ САМООПЫЛЯЕМЫХ И ПЕРЕКРЕСТНООПЫЛЯЕМЫХ ВИДОВ ДОННИКА С ЦЕЛЬЮ СОЗДАНИЯ БЕЛКОВЫХ ПАСПОРТОВ Попихина М.М., Дук О.В., Егги Э.Э.	142
ХАРАКТЕРИСТИКА НОВЫХ РЕКОМБИНАНТНЫХ ЛИНИЙ С БОЛЬШИМ ЧИСЛОМ ЗЕРНОВОК ОТ СКРЕЩИВАНИЯ ТРИТИКАЛЕ С МЯГКОЙ ПШЕНИЦЕЙ Пюккенен В.П., Кибкало И.А., Пендинен Г.И.	143
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЯЧМЕНЯ ИЗ АФГАНИСТАНА ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ОБЫКНОВЕННОЙ ЗЛАКОВОЙ ТЛЕ Радченко Е.Е., Ковалева О.Н., Абдуллаев Р.А.	144
КРИОКОНСЕРВАЦИЯ ОБРАЗЦОВ <i>VIGNA UNGUICULATA</i> (L.) WALP Раздувалова С.А., Камылина Н.Ю., Крылова Е.А., Ухатова Ю.В.	145

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СТАД МОЛОЧНОГО СКОТА ЯРОСЛАВСКОЙ ПОРОДЫ ПО ИНДЕКСУ ГЕНЕТИЧЕСКОГО СХОДСТВА Скворцова Е.Г., Филинская О.В.....	146
РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЛЬНА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ПО УСТОЙЧИВОСТИ К РЖАВЧИНЕ (<i>MELAMPSORA LINI</i> PERS.(LEW.)) Слободкина А.А. Павлов А.В., Пороховинова Е.А.....	147
СОЗДАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПАСПОРТОВ КОЛЛЕКЦИИ СОРТОВ ЯБЛОНИ (<i>MALUS DOMESTICA</i> BORKH.) БОТАНИЧЕСКОГО САДА ИМ. В.М. КРУТОВСКОГО Сухих Т.В., Ибе А.А., Шеллер М.А., Моксина Н.В., Братилова Н.П.	148
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЗЕРНОВЫХ ЗЛАКОВЫХ КУЛЬТУР ПО ЭФФЕКТИВНОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ Тырышкин Л.Г.	149
ОЦЕНКА СОДЕРЖАНИЯ АЛКОЛОИДОВ РАСТЕНИЙ И МИКРОКЛОНОВ ВИДОВ <i>ARISTOLOCHIA</i> Юсупова Е.П., Григорчук В.П., Наконечная О.В.....	150
ИЗУЧЕНИЕ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ИЗ ЭФИОПИИ К АЛЮМОТОКСИЧНОСТИ КИСЛЫХ ПОЧВ Яковлева О.В., Зуев Е.В.	151
ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНАЯ ЭКСПРЕССИЯ МИКРОРНК В МОНОНУКЛЕАРАХ ПРИ ОСТЕОПОРОЗЕ: НОВЫЕ ДАННЫЕ ЭПИГЕНЕТИКИ ВОЗРАСТАССОЦИИРОВАННОГО ЗАБОЛЕВАНИЯ Ялаев Б.И., Хусаинова Р.И.	152
ИЗУЧЕНИЕ РАЗНОВИДНОСТЕЙ ОВСА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР С ПОМОЩЬЮ НЕСПЕЦИФИЧЕСКОГО МЕТАБОЛОМНОГО ПРОФИЛИРОВАНИЯ ДЛЯ РАЗВИТИЯ НОВЫХ НАПРАВЛЕНИЙ СЕЛЕКЦИИ Попов В.С., Шеленга Т.В., Сафонова Э.Э., Лоскутов И.Г.	153
ПРОГРАММА IV НАУЧНОГО ФОРУМА «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»	154
12 мая 2026 г. (вторник)	154
13 мая 2026 г. (среда).....	157
14 мая 2026 г. (четверг)	161
15 мая 2026 г. (пятница)	166

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ ПЛЕНАРНЫХ ЗАСЕДАНИЙ

КОЛЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ И СИСТЕМЫ БОЛЬШИХ ДАННЫХ: ОТ ОБРАЗЦА К НОВЫМ ЗНАНИЯМ

Крестов П.В.

Ботанический сад-институт Дальневосточного отделения Российской академии наук, 690024,
Россия, Владивосток, улица Маковского, дом 142.

krestov@botsad.ru

Традиционные коллекции растений и растительного материала, аккумулируемые человечеством на протяжении более двух столетий, в последние десятилетия обзаваются цифровыми двойниками, что открывает возможности для качественно новых научных обобщений, ранее недоступных при анализе физического материала из гербариев и хранилищ живого генофонда. Объединение метаданных миллионов образцов с разной информационной нагрузкой с геопространственными, климатическими, геномными данными открывает возможности решения задач от индикации климатических сдвигов и ретроспективного и прогнозного моделирования распространения видов и экосистем до оптимизации мер охраны биоразнообразия. Коллекционный растительный материал только в ботанических садах в уже превысил отметку в 30 % мирового разнообразия сосудистых растений и представляет достаточную выборку для эффективного обучения нейросетевых алгоритмов автоматического извлечения данных из всего спектра природных экосистем, формирующих глобальную биосферу. Физический образец сохраняет свою ценность как верифицируемый свидетель существования вида в определенном месте и времени, но цифровые копии миллионов образцов, преобразованные в машиночитаемые массивы данных и интегрированные в глобальные системы больших данных, становятся фундаментом для нового поколения экологических и эволюционных исследований на макроуровне. Достигнутый уровень развития технологий (стандарты данных, облачные платформы, глубокое машинное обучение) уже сегодня позволяет переходить от локальных описаний к прогнозным моделям, способным поддерживать принятие решений в области охраны природы, сельского хозяйства и управления природными ресурсами в разных геопространственных измерениях и масштабах. Дальнейший прогресс будет зависеть от системных усилий по цифровизации, повышения качества метаданных и развития механизмов поддержки цифровой инфраструктуры биоразнообразия. Основными вызовами остаются неоднородность качества метаданных, их географическая неоднородность и необходимость устойчивого финансирования. Дальнейшее развитие направления связано с автоматизацией извлечения данных с помощью нейросетей и созданием цифровых платформ, обеспечивающих интеграцию коллекций в единое научное пространство.

ГЕНОФОНД РИСА, УСТОЙЧИВОГО К ДЛИТЕЛЬНОМУ ЗАТОПЛЕНИЮ ВОДОЙ НА РАННИХ СТАДИЯХ ОНТОГЕНЕЗА

Костылев П.И.,^{1,2*} Черткова Н.Г.^{1,2}

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

² ФГБНУ «АНЦ «Донской», Центр фундаментальных научных исследований, 347740, Россия,
Зерноград, Научный городок, д. 3.

*p-kostylev@mail.ru

Рис занимает второе место в мире по площади и валовому сбору зерна и служит важным источником пищи для людей. Пересадка рассады риса долгое время была традиционным методом выращивания. В России применяют прямой способ посева риса с затоплением полей, что вызывает снижение всхожести и выживаемости растений в анаэробных условиях. Однако затопление является фактором борьбы с сорными растениями. Поэтому создание сортов риса, устойчивых к дефициту кислорода при прорастании, является актуальным. Цель исследования – идентификация образцов риса, устойчивых к глубоководному затоплению. Изучали линии риса от скрещивания доноров, несущих гены Sub1A, Sk1, с российскими сортами в лаборатории риса АНЦ «Донской» (Ростовская область). Семена проращивали в пробирках с водой на свету при температуре 26–28°C. Длину ростка измеряли на 5-й, 7-й, 9-й и 12-й день. Всхожесть у семян сортов и гибридных линий варьировала от 95 до 100 %. Наблюдали две стратегии устойчивости к глубоководному затоплению риса под действием генов SUB1A и SK1. Линии, несущие по результатам ПЦР-анализа доминантный аллель гена SK1, имели длину ростка на уровне донорного сорта Khao Hlan Op, достигая на 12-й день 14 см. Линии с рецессивным аллелем значительно отставали в росте. У линий с доминантным аллелем гена Sub1A наблюдали противоположную стратегию, когда ростки риса под водой замедляли свои ростовые процессы и не превышали длину 6 см, как у донора Inbara-3. Линии с рецессивным аллелем по длине ростка превышали даже отечественный сорт Новатор (более 8 см). В результате лабораторного опыта были выявлены гибридные линии риса, которые продемонстрировали сопоставимые значения длины ростка с зарубежными донорными сортами риса. Их можно использовать в селекционной работе.

Работа выполнена по гранту РНФ № 25-14-00074 (PURE ID: 136071362) Исследование стратегий адаптации риса к недостатку кислорода на основе омиксных технологий.

АНАЛИЗ ПОЛНОГО ГЕНОМА ВЫЯВЛЯЕТ ЗАКОНОМЕРНОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПОРОД КУР

Дементьева Н.В. *, Щербаков Ю.С.

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а.

*dementevan@mail.ru

Оценка генетического разнообразия пород домашней птицы, имеет решающее значение для сохранения их как генетических ресурсов, выявления специфических генетических особенностей и изучения истории их генетической дивергенции. В мире имеется богатое генетическое разнообразие пород кур, которое можно эффективно развивать и использовать. Редкие породы кур обычно являются носителями специфических фенотипических признаков, включая адаптацию к местным условиям, устойчивость к болезням и уникальные характеристики продуктивности. В наших исследованиях рассматривалась генетическая изменчивость пород кур на основе однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Проводилась оценка фенотипов и генетических характеристик пород, таких как гетерозиготность, инбридинг, эффективный размер популяции и участки гомозиготности (ROH). Некоторые породы обладали более высоким генетическим разнообразием, а другие демонстрировали повышенные показатели инбридинга в своих геномах. Особое внимание уделялось редким и исчезающим породам, которые происходили от ограниченного числа предков или находились под сильным селективным давлением на протяжении многих поколений. Небольшая численность популяции этих пород, снижение их репродуктивных показателей могут указывать на риск возможного увеличения инбридинга в будущем. Полученные результаты расширяют понимание влияния селекции на геном малочисленных пород кур и вносят вклад в дальнейшее их сохранение. Наши данные предоставляют полногеномные сведения о генетической изменчивости, истории, филогении, селективных сдвигах в популяциях пород кур, разводимых в России. Генетический мониторинг различных пород и популяций кур позволяет отслеживать динамику генофондов популяций, изучать место отдельных местных пород в мировом генофонде и глубже изучать проблемы происхождения домашней птицы и пороодообразования.

Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда (грант № 24-16-00174).

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КОЗ (*CAPRA HIRCUS*) НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ПОЛНЫХ ГЕНОМОВ

Денискова Т.Е.^{*}, Доцев А.В., Кошкина О.А., Зиновьева Н.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 142132, Россия, Московская область, Городской округ Подольск, поселок Дубровицы, д. 60.

^{*}horarka@yandex.ru

Домашние козы (*Capra hircus*) сочетают в себе уникальные биологические, экологические и экономически значимые признаки. Козы неприхотливы к условиям кормления и содержания. Одомашнивание коз произошло примерно 10 тысяч лет назад на территории «Плодородного Полумесяца», откуда козы распространились по миру и заселили разнообразные места обитания, что привело к созданию многочисленных локальных пород, хорошо адаптированных к специфическим экологическим условиям (зоны степей, пустынь и полупустынь, долин, гор и высокогорья). Тем не менее, многие локальные породы коз находятся в уязвимом или критическом состоянии из-за несоответствий требованиям интенсивного производства и разводятся лишь в небольших стадах. В связи с этим, оценка уровня генетического разнообразия в популяциях местных пород актуальна для разработки программ их сохранения *ex situ*. Интенсивное развитие методов молекулярной генетики в последние два десятилетия, в частности технологии секвенирования следующего поколения (NGS), позволило провести секвенирование полного генома домашней козы. Цель исследования – выполнить идентификацию аутентичных геномных вариантов, лежащих в основе формирования адаптационных и экономических значимых признаков отечественных пород коз. В качестве объектов исследования были использованы образцы ткани коз оренбургской, горноалтайской, советской шерстной и карачаевской пород. Поиск локусов, находящихся под давлением селекции, проводился с помощью расчета попарных значений F_{ST} и метода расчета гомозиготности по расширенному гаплотипу (XP-EHH). NGS секвенирование проводилось со средним покрытием 20х. Сборка и выравнивание секвенированных нуклеотидных последовательностей были выполнены на референсный геном ARS1 с использованием parallel, fastp, bwa-mem2, samtools, bcftools, plink, R. В результате применения биоинформатических подходов выявлены гены-кандидаты, связанные с репродуктивными качествами, иммунитетом, метаболизмом и устойчивостью к перепадам температур в течение года.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-46-02012, <https://rscf.ru/project/24-46-02012/>.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЯЧМЕНЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К КАРЛИКОВОЙ РЖАВЧИНЕ

Абдуллаев Р.А. *, Алпатьева Н.В., Баташева Б.А., Ковалева О.Н., Малашенок А.С.,
Тулякова Д.Г., Радченко Е.Е.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова, 190031, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42,
44.

* abdullaev.1988@list.ru

На полях научно-производственной базы «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» (Санкт-Петербург) с 2018 по 2025 гг. оценили устойчивость к возбудителю карликовой ржавчины *Russinia hordei* G.H.Otth. 3513 образцов ячменя (952 – Восточная Азия, 891 – Эфиопия, 318 – Северная Африка, 157 – Средиземноморье, 319 – Центральная Азия, 201 – Закавказье, 205 – Северная Америка; 227 – стародавние и 243 – современные европейские сорта). Для максимального распространения гриба с соседнего производственного участка посев проводили поздно, в первой декаде июня. Ежегодно наблюдали эпифитотию болезни, поражение восприимчивого сорта Белогорский составляло 1–3 балла. Учеты поражения растений выполняли в периоды колошения и молочной спелости зерна по шкале от 1 до 9 (высокая устойчивость). Результаты экспериментов свидетельствуют о невысоком разнообразии ячменя по устойчивости к *R. hordei*, лишь 0,8% образцов не поражались или поражались слабо популяцией патогена. Высокий уровень устойчивости наблюдался лишь у сорта Sebadá sara (к-18687) из США, а также у образцов к-30810, к-30811, к-30812 из Эфиопии, имеющих известный ген *Rph7*. Единичные пустулы отмечались на растениях 24 изученных образцов: к-7511, к-7516, к-15205, к-19937 (Алжир); к-7513, к-7517, к-7518, к-7521, к-7576, к-13282, к-15202, к-15210, к-15219, к-15227 (Марокко); к-8813, к-8814, к-8828, к-9089, к-9095, к-9096 (Италия); к-9182, 9186 (Греция); к-20374 (Монголия); к-21919 (Эфиопия). Подавляющее большинство (78,6 %) устойчивых к *R. hordei* форм происходят из Средиземноморского центра разнообразия. С помощью молекулярных маркеров ген *Rph7*, помимо известных носителей, был идентифицирован у трех умеренно устойчивых образцов: к-24958 (Orge 618 18789) из Марокко, к-29819 (Tokai Kawa) из Японии и к-31242 (J B Flavour) из Германии.

Работа выполнена в рамках Программы развития НЦГРР по соглашению с Минобрнауки России от 01.04.2026 г. № 075-02-2026-1649

УСПЕХИ И ПРОБЛЕМЫ СЕЛЕКЦИИ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К РЖАВЧИНЫМ БОЛЕЗНЯМ

Гультяева Е.И., ^{1*} Шайдаюк Е.Л., ¹ Левитин М.М.²

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, лаборатория микологии и фитопатологии, 196608, Россия, Санкт-Петербург, шоссе Подбельского, 3

² Санкт-Петербургское отделение РАН

*eigultyaeva@gmail.com

Пшеница - основная стратегическая сельскохозяйственная культура. Поражение болезнями - существенный фактор снижения ее урожайности. Бурая (возбудитель *Puccinia triticina*) и желтая (*P. striiformis*) ржавчины - экономически значимые болезни мягкой пшеницы во всем мире. Иммуногенетическая защита, основанная на возделывании генетически разнородных резистентных сортов, составляет основу современных агротехнологий. Для успешного ее осуществления необходима информация о степени устойчивости возделываемых сортов и их разнообразии по генам устойчивости, поскольку широкое выращивание генетически однородных сортов способствуют быстрому появлению новых вирулентных рас.

Исследования устойчивости к *P. triticina* и *P. striiformis* у реестровых сортов ежегодно проводятся во Всероссийском НИИ защиты растений (ВИЗР). Проанализировано свыше 300 озимых и 250 яровых сортов. Отмечена ежегодная динамика нарастания в районировании сортов пшеницы устойчивых к бурой ржавчине. С использованием молекулярных маркеров у них определены высокоэффективные (*LrAsp*, *Lr6Agi1*, *Lr6Agi2*), частично эффективные (*Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr34*, *Lr37*, *Lr1AL.IRS*) и малоэффективные (*Lr1*, *Lr3*, *Lr10*, *Lr20*, *Lr26*) гены. Эти гены представлены у сортов по отдельности, либо в разных сочетаниях.

Реестровый сортимент мягкой пшеницы продемонстрировал слабый потенциал в отношении генетической защиты от желтой ржавчины, особенно яровые генотипы. С использованием молекулярных маркеров для них проведена идентификация 14 *Yr*-генов (*Yr2*, *Yr5*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr24*, *Yr25*, *Yr35*, *Yr51*, *Yr60*, *Yr1AL.IRS*) и определено только четыре из них (*Yr9*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr1AL.IRS*). Проблема нарастания в регионах вредоносности *P. striiformis* обуславливает необходимость усиления внимания к опережающей селекции к на устойчивость к желтой ржавчине.

**СТРАТЕГИЯ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ
СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ
EX SITU: ПЕРВЫЕ ИТОГИ**

Зиновьева Н.А.

Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста,
142132, Россия, Московская обл., г.о. Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

n_zinovieva@imail.ru

Биологическое разнообразие генетических ресурсов сельскохозяйственных животных (AnGR) в России значительно и представлено 51 видом, 507 породами, в том числе 236 локальными. Проведение генетического мониторинга с использованием современных технологий повышает значимость биологических коллекций и позволяет отбирать наиболее типичных и ценных представителей AnGR для долгосрочного сохранения (криоконсервации). Национальным центром генетических ресурсов сельскохозяйственных животных разработана ключевая стратегия сохранения AnGR, основанная на комплексном использовании генетических и вспомогательных репродуктивных технологий. Реализация данной стратегии в рамках выполнения программы развития Национального центра уже позволила снизить категорию риска исчезновения ряда пород крупного рогатого скота. В настоящее время проводится работа по расширению спектра видов и пород сельскохозяйственных животных, участвующих в программах сохранения AnGR ex situ.

МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЕ И АЛЬГОЛОГИЧЕСКИЕ КОЛЛЕКЦИИ РОССИИ: СОХРАНЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В БИОЭКОНОМИКЕ

Куликовский М.С.

ФИЦ ПНЦБИ РАН, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина
РАН, 142290, Московская область, г.о. Серпухов, г. Пущино, пр-кт Науки, д. 5

max-kulikovsky@yandex.ru

Сохранение и развитие генетических коллекций является основополагающей деятельностью для успешного существования любого государства. Микробиологические депозитарии являются основой для успешного функционирования биотехнологий, медицины, сельского хозяйства и других сфер. В настоящее время в России начаты работы по правовым инициативам и подписан закон «О биоресурсных центрах», который призван регулировать коллекционную деятельность. В докладе рассматриваются микробиологические и альгологические коллекции в России. Крупнейшей коллекцией является Всероссийская коллекция микроорганизмов, которая представляет важнейший депозитарий штаммов бактерий, грибов, актиномицетов, дрожжей, водорослей. Альгологические коллекции представлены слабее, но они являются важным звеном для биотехнологических исследований в нашей стране. Рассматривается необходимость сохранения и поддержания коллекций, неоднородность их распределения, важность для депонирования и Будапештский договор. Отдельно будет рассмотрено существование биоресурсных центров и сама модель их функционирования. Коллекции являются основой для современных проектов в биоэкономике и перспективы их использования также будут обсуждены.

Работа поддержана Министерством науки и высшего образования РФ, соглашение номер 075–15–2025–485.

ИЗУЧЕНИЕ БИОРАЗНООБРАЗИЯ ЭНДОСИМБИОТИЧЕСКИХ БАКТЕРИЙ СЕВЕРНЫХ БОБОВЫХ РАСТЕНИЙ КАК ОСНОВА СОХРАНЕНИЯ И УПРАВЛЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТЬЮ ЭКОСИСТЕМ АРКТИКИ

Карлов Д.С. *, Гуро П.В., Кузнецова И.Г., Сазанова А.Л., Черникова Н.В., Белимов А.А.,
Сафронова В.И.

ФГБНУ Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии (ВНИИСХМ) 196608,
Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин-8, шоссе Подбельского, д. 3.

* ds.karlov@arriam.ru

Изменение климата сопровождается кардинальной перестройкой всей экосистемы Арктики. В связи с этим, актуальной проблемой становится разработка стратегии и механизмов бережного использования биоресурсов Арктики при сохранении биоразнообразия этой уникальной природно-климатической зоны планеты. Создание высокоэффективного азотфиксирующего бобово-ризобиального симбиоза, адаптированного к экстремальным условиям Крайнего Севера, может играть одну из ведущих ролей в сохранении и восстановлении биоразнообразия северных экосистем через механизмы повышения продуктивности агро- и фитоценозов. Изучение биоразнообразия арктических клубеньковых бактерий является основополагающим подходом к поиску эффективных и устойчивых к широкому спектру абиотических факторов автохтонных симбиотических микроорганизмов. Сотрудниками ВНИИСХМ были проведены многочисленные научно-исследовательские экспедиции в труднодоступные районы российской Арктики и Субарктики с целью сбора клубеньков и семян дикорастущих бобовых. Всего было собрана 151 популяция растений, относящихся к 31 виду бобовых из рода *Hedysarum*, *Astragalus*, *Oxytropis*, *Trifolium*, *Vicia*, *Lathyrus* и *Melilotus*. Из клубеньков собранных растений было выделено не менее 800 бактериальных штаммов, относящихся к порядку *Hyphomicrobiales*. Для некоторых из них была изучена симбиотическая эффективность с различными видами дикорастущих и культурных бобовых растений в условиях микровегетационных опытов, а также были выявлены симбиотические (*sym*) и рост стимулирующие гены, ответственные за продуктивность растений. Таким образом, создание адаптивных бобово-ризобиальных симбиотических систем позволит сохранить уникальное биоразнообразие арктических ландшафтов и выработать механизмы бережного использования и возобновления стратегических биоресурсов Арктики.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2025472 от «29» мая 2025 г. о предоставлении гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию проекта: «Расширение фонда и развитие геномных исследований в коллекции микроорганизмов Сетевая биоресурсная коллекция в области генетических технологий для сельского хозяйства (ВКСМ)».

БИОРЕСУРСНЫЕ КОЛЛЕКЦИИ СПбГУ В СВЕТЕ РАЗВИТИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ОБРАЗОВАТЕЛЬНОМ ПРОЦЕССЕ

Нижников А.А.

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург,
Университетская наб. 7-9-11

a.nizhnikov@spbu.ru

Биоресурсные коллекции представляют собой способ сохранения биоразнообразия, делая его доступным для многих поколений исследователей. Комплекс биоресурсных коллекций Санкт-Петербургского государственного университета представлен примерно 40 коллекциями, состоящими как из фиксированных образцов, так и образцов в живом разведении. Общее количество образцов в биоресурсных коллекциях Университета превышает один миллион. Практически все коллекции активно используются при реализации десятков дисциплин в рамках двух основных образовательных программ бакалавриата, двух программ магистратуры и ряда программ аспирантуры по биологическим наукам и некоторым другим укрупненным группам специальностей и направлений подготовки. Биоресурсные коллекции СПбГУ активно развиваются и пополняются образцами, полученными с использованием современных генетических технологий [1]. Так, в последние годы в СПбГУ возникла коллекция лабораторных млекопитающих с отредактированным геномом, используемая для моделирования заболеваний человека. Генетиками СПбГУ ведутся работы по редактированию геномов хозяйственно-значимых растений, направленные, в том числе, на повышение устойчивости к вредителям. При помощи методов геномной инженерии и редактирования генома создаются эффективные штаммы микроорганизмов-продуцентов. Прорабатываются основы подходов в области синтетической биологии, в том числе, создания организмов с измененным генетическим кодом.

Работа выполняется при поддержке СПбГУ, проект 124032000041-1.

[1]. Bioresource collections of St. Petersburg University: 300 years of research and education / K. Antonets, V. Bubyreva, I. Buzovkina [et al.] // Biological Communications. – 2025. – Vol. 70, No. 1. – P. 57-82. – DOI 10.21638/spbu03.2025.106. – EDN VDRSIE.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ SNP С КОМПОНЕНТНЫМ СОСТАВОМ МОЛОКА КОРОВ В МОДЕЛЬНОМ СТАДЕ НА ОСНОВЕ МЕТОДОВ BLUP и GWAS

Сермягин А.А.,^{1*} Романова Е.А.,¹ Отраднов П.И.,² Игнатьева Л.П.,² Нарышкина Е.Н.,²
Зиновьева Н.А.²

¹Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения
сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, 196626,
Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин, Московское шоссе, 55-а.

²Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный
исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 142132,
Россия, Г.о. Подольск, Московская область, пос. Дубровицы, 60

* alex_sermyagin85@mail.ru

В настоящий момент вектор научных исследований в генетике и селекции животных смещается в сторону построения экспериментов на основе ресурсных популяций особей, полученных в результате скрещивания контрастных фенотипов за ряд поколений, для выявления при GWA-анализе значимых полиморфизмов. В нашей настоящей работе мы использовали элементы метода мини-стада для получения модельной популяции скота (Краснодарский край, ПЗ «Ладожский»), в которой проводили тотальное фено- и генотипирование коров, являющихся дочерями ранее изученных и генотипированных быков. Объем выборки генотипов и период наблюдений составлял, соответственно, 332 коров и пять последовательных лет исследований (2020-2024). Накопленная база собственных фенотипов коров по компонентному составу молока составила около 25 тыс. наблюдений: жировая и белковая фракции, метаболиты, соматические клетки. Целью являлось изучение генетической изменчивости показателей состава молока коров голштинской породы на основе BLUP-процедуры и идентификация однонуклеотидных полиморфизмов в геноме при использовании значений EBV как псевдофенотипов на отдельно взятом модельном стаде. Из 36544 маркеров, вошедших в анализ, было выявлено 249 значимых SNP. Наибольшую частоту для признаков компонентного состава молока показал участок на 14-й хромосоме ($p < 1,03 \times 10^{-8} \dots 2,20 \times 10^{-23}$), имеющий схожую локализацию QTL для компонентов: ацетон, C14:0, C16:0, C18:0, C18:1 жирные кислоты, казеин, процент жира и белка, СОМО и сухое вещество. Наибольшее количество полиморфизмов ($n=10-16$) было обнаружено для генов *LRRC24*, *PPP1R16A* (в сцеплении с *DGAT1*), *ADCK5*, *GSDMD*, которые были ассоциированы, согласно литературным источникам, с жирно- и белкомолочностью, удою за лактацию и рядом биологических показателей. Последний ген был сопряжен с иммунитетом и устойчивостью животных к маститам. Проведение исследований на модельном стаде позволяет получать сравнимые результаты с GWAS на больших популяционных выборках особей.

Исследования выполнены при поддержке проекта РНФ №21-76-20046-П

ПРОБЛЕМА СОХРАНЕНИЯ ГАМЕТ САМОК СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ПТИЦ *IN VITRO* – КЛЕТКИ ИЛИ ТКАНИ?

Силукова Ю.Л., Станишевская О.И.

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), 196634, Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское ш., д 55а

*svadim33@mail.ru

Существующие для птиц методы криоконсервации репродуктивных клеток позволяют сохранять полноценность сперматозоидов, но без яйцеклетки, этот, в рамках восстановления породы или популяции, метод позволяет восстанавливать породы через поглотительное скрещивание с эффективностью 99,9% за 10 поколений. Однако, материнский геном породы (мтДНК и половая хромосома гетерогаметного пола ZW) при этом утрачивается. Для яйцеклетки птиц, такой фактор, как ее полилецитальное строение, а также развитие эмбриона *in ovo*, являются серьезными препятствиями для криоконсервации их гамет. Восстановление функциональности яйцеклеток птиц при дефростировании остается для сегодняшней науки невозможным. Решение видится в витрификации ооцитов в ткани яичников, поскольку трансплантация ткани яичника у птиц – осуществимый метод сохранения яйцеклеток. В этом перспективном направлении исследования по разработке эффективных протоколов криоконсервации женских половых клетки самок с последующей регенерацией у живых птиц имеют важное значение в развитии биобанков репродуктивного материала. Модель хориоаллантоисной мембраны куриного эмбриона является диагностическим инструментом для определения жизнеспособности ооцитов в тканях яичников с целью оценки эффективности разрабатываемых протоколов криоконсервации. Значительного успеха по трансплантации овариальной ткани достигли ряд ученых в 2006 году у суточных цыплят и 2007 году у цыплят в возрасте 35-40 дней. Было отмечено, что метод ортотопной трансплантации яичников птиц после криоконсервации позволяет получать искомое донорское потомство с эффективностью не ниже 50% в течение длительного времени. Разработанные методы криоконсервации PGCs являются, по литературным данным, менее эффективными с точки зрения получения генетически однородного потомства. Кроме того, трансплантация яичника может быть полезна для исследований в области генетики или биологии развития, а также может обеспечить удобный доступ к женской зародышевой линии для генетических манипуляций. Таким образом, развитие междисциплинарных исследований в области интраовариальной криоконсервации ооцитов птиц и их ортотопной хирургической трансплантации позволит комплексно сохранять биологическое разнообразие пород сельскохозяйственных птиц в условиях *in vitro*.

ТРАНСГЕНЕРАЦИОННЫЙ ЭФФЕКТ КРИОКОНСЕРВАЦИИ СЕМЕНИ ПТИЦ НА РАЗВИТИЕ РЕПРОДУКТИВНЫХ ОРГАНОВ, ТКАНЕЙ И ГАМЕТ САМЦОВ (НА ПРИМЕРЕ *GALLUS GALLUS DOMESTICUS*)

Станишевская О.И. *, Силукова Ю.Л.

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), Лаборатория научного обеспечения сохранения генетических ресурсов птиц, 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а.

*olgastan@list.ru

Криоконсервация семени в настоящее время является основным методом сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных птиц *in vitro*. Не смотря на значительное число разработанных методик замораживания/оттаивания и составов криозащитных сред, негативное воздействие процесса криоконсервации на сперму птиц по-прежнему вызывает серьезную озабоченность, поскольку замораживание не только отрицательно влияет на морфофункциональные параметры сперматозоидов и их фертильность, но также может оказывать влияние на структуру ДНК сперматозоида и вызывать изменения профиля микроРНК и, как следствие, влиять на процессы оплодотворения и раннее развитие эмбриона. Известно, что около 10% эмбриональной РНК имеет отцовское происхождение, которая может быть подвержена эпигенетическому воздействию в процессе криоконсервации семени. Рядом исследователей было высказано предположение, что микроРНК, полученные от отца, могут выступать в качестве переносчика информации об окружающей среде из поколения в поколение и/или выступать в качестве трансгенеративной памяти об экспрессии генов предыдущих поколений. Целью данных исследований было определить степень трансгенерационного эффекта криоконсервации семени петухов на развитие репродуктивных органов, тканей и гамет их потомков для последующего совершенствования технологий криоконсервации семени птиц, не только минимизирующих структурные криоповреждения клеток, но и обеспечивающих сохранность ключевых для сперматогенеза микроРНК. Установлено, что криоконсервация индуцирует достоверные изменения в экспрессии микроРНК miR-301a-5p / miR-6701-3p и их целевых генов TGFB2 / DMRT1 в сперме F0. Кроме того, криоконсервация спермы петухов-производителей (F0) индуцирует трансгенерационные нарушения в морфогенезе и молекулярной регуляции репродуктивной системы у потомства (F1), проявляющиеся у суточных цыплят и ещё более выраженные на эмбриональной стадии (10 суток инкубации). Эти эффекты носят системный характер: наблюдается согласованное снижение ключевых регуляторов мужской дифференцировки и морфогенеза гонад – генов TGFB2 и DMRT1, сопровождающееся предсказуемыми гистологическими изменениями.

Исследования выполнены при поддержке РНФ по Проекту № 24-16-00259.

ЭТИЧЕСКОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ БИОЭКОНОМИКИ

Брызгалина Е.В.

Московский Государственный университет им. М.В. Ломоносова, философский факультет,
кафедра философии образования 119991, Россия, Москва, Ломоносовский проспект д.27, к.4

bryzgalinaev@my.msu.ru

Биоэкономика опирается на расширение исследовательской деятельности для понимания строения и функционирования живых систем, а так же для проектирования и создания биологических систем с заданными свойствами и функциями, предполагает использование биотехнологий для разработки новых технологических процессов и продуктов. Возникает потребность на постоянной основе осуществлять этическое и правовое сопровождение исследовательской деятельности и практик внедрения продуктов и процессов, относящихся к биоэкономике, поскольку эта деятельность имеет серьезную социальную и индивидуальную значимость, затрагивает основополагающие ценности общества и человека, требует ответственного развития.

Этическое обеспечение биоэкономики включает два взаимосвязанных вектора: внешний и внутренний. Внешний вектор – взаимодействие университетов, научных учреждений и научно-технологических компаний с государством, с обществом и социальными группами, а также с отдельными гражданами по вопросам этической ответственности на полном цикле научных исследований и технологических внедрений в области биоэкономики. Внутренний вектор – вопросы ведения исследовательской деятельности в биоэкономике (реализация в исследовательской деятельности этических принципов - служения истине, интеллектуальной добросовестности, ответственности и предвидения, уважения достоинства и автономии личности, справедливости и беспристрастности, академической честности, доверия). Право и этика два самостоятельных регулятора развития биоэкономики, отношения между которыми могут быть как гармоничными, так и противоречивыми. Значимость этического регулирования возрастает.

ЯКУТСКАЯ, ХОЛМОГОРСКАЯ И ЯРОСЛАВСКАЯ ПОРОДЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАК НЕВОЗОБНОВЛЯЕМЫЙ ГЕНЕТИЧЕСКИЙ РЕСУРС РОССИИ: ГЕНОМНЫЕ МАРКЕРЫ ХОЛОДОУСТОЙЧИВОСТИ И СТРАТЕГИЯ СОХРАНЕНИЯ

Крутикова А.А.,* Племяшов К.В., Кузнецова Т.Ш., Беликова А.О.

Санкт-Петербургский государственный университет ветеринарной медицины, Кафедра генетических и репродуктивных биотехнологий, 196084, Россия, Санкт-Петербург, ул. Черниговская, д.5

*anntim2575@mail.ru

Северные аборигенные породы крупного рогатого скота России — якутская, холмогорская и ярославская — представляют уникальный и невозобновляемый фонд адаптивных аллелей, сформированный длительным естественным и искусственным отбором в условиях экстремального климата Севера. Однако, интенсивная интрогрессия генетического материала высокопродуктивной голштинской породы создаёт серьёзный риск вытеснения локальных породоспецифических вариантов и, как следствие, необратимой генетической эрозии аборигенных популяций.

Согласно опубликованным результатам полногеномного ресеквенирования, у якутского скота выявлена фиксированная миссенс-замена H100Q в гене *NRAP*, кодирующем активизирующий белок саркомера. Данная замена ранее описана у 16 видов зимоспящих млекопитающих из шести филогенетических отрядов, что, по мнению исследователей, представляет прецедент конвергентной молекулярной эволюции. Обособление породы около 5 тыс. лет назад и сниженная наблюдаемая гетерозиготность ($H_o=0,279$ против $0,337-0,363$ у других пород) подтверждают длительную генетическую изоляцию. Отбор в северных породах действовал не только на отдельные гены (*HDAC3*, *SPTBN5*), но и на целые геномные регионы с вариациями копий, где сконцентрированы гены, отвечающие за терморегуляцию.

У холмогорской породы, как показано в исследованиях, сигналы позитивного отбора выявлены в генах *AQP5* и *SYK*; наличие альтернативных вариантов в кодоне 100 *NRAP* при отсутствии фиксации H100Q позволяет предположить существование параллельных молекулярных механизмов кардиальной адаптации к низким температурам. Ярославская порода остаётся фрагментарно изученной, однако предварительные данные указывают на сигнатуры в гене *SFTPD* и хромосоме BTA15 (*MSANTD4*, *GRIA4*), находящейся под действием отбора у всех трёх пород, что подчёркивает их потенциальную адаптивную значимость.

Оптимальная комплексная стратегия сохранения генофонда предусматривает разработку специализированной SNP-панели маркеров холодоустойчивости, формирование национального криобанка биоматериала, проведение полногеномного ресеквенирования ярославской породы, внедрение геномного мониторинга инбридинга в племенные программы и законодательное закрепление охранного статуса пород как части национального генофонда.

Исследования выполнены при поддержке гранта РФФИ № 25-46-02064.

СОХРАНЕНИЕ ГЕНОФОНДА ВИНОГРАДА В СИСТЕМЕ *IN VITRO*

Павлова И.А.

Крымский научно-исследовательский центр виноградарства и виноделия «Магарач»
Курчатовского комплекса виноградарства и виноделия Национального исследовательского
центра «Курчатовский институт», Ялта, Республика Крым, Россия

pavlovairina1965@gmail.com

Сохранение генетических ресурсов растений в контролируемых условия культивирования существенно расширяет технические возможности, позволяет сократить затраты на содержание коллекции и исключить повторное поражение образцов патогенами.

В институте «Магарач» создана и развивается «Вегетирующая коллекция растений *in vitro* перспективных сортов, гибридов и клонов винограда». Она представлена образцами сортов, клонов, соматклонов разного происхождения и перспективных гибридов винограда селекции института. Развитие коллекции ведется в нескольких направлениях. Продолжается пополнение, систематизация, каталогизация коллекционного материала. Составлена база данных по сортовому спектру вегетирующей коллекции растений крымских автохтонных сортов винограда *in vitro*. Каждый образец характеризуется по определенным показателям, например, таксон, тип цветка, устойчивость к стресс-факторам; направление использования и т.д. База данных предназначена непосредственно для систематизации коллекции, для предоставления информации по автохтонным сортам в питомниководческие центры и научные институты.

Ограничивающим фактором содержания вегетирующей коллекции винограда является необходимость относительно частых пересадок образцов. Для сохранения генетического материала стратегическим моментом является замедление или прекращение ростовых процессов с сохранением регенерирующей способности почек. Замедление роста обычно достигают за счет модификации сред или условий культивирования. Из физических факторов культивирования использовали снижение температуры в комбинации с уменьшением интенсивности освещения. Растения в состоянии глубокого покоя сохраняли при пониженной температуре в полной темноте. Модификация среды на основе добавления высоких концентраций сахарозы в сочетании с пониженной освещенностью, способствовала значительному сокращению пересадок коллекционного материала. Для поддержания образцов коллекции разработано пять режимов культивирования. Применение комбинированных режимов оказалось наиболее эффективным способом содержания коллекционного материала. Растения винограда сохраняли жизнеспособность при беспересадочном культивировании до двух лет.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ФИТОТРОННО-ТЕПЛИЧНОГО КОМПЛЕКСА ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ КОЛЛЕКЦИЙ РАСТЕНИЙ

Ткаченко О.В.,* Рязанцев Н.В.

Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии имени Н.И. Вавилова, Институт генетики и агрономии, 410012, Россия, Саратов, проспект имени Петра Столыпина, здание 4, строение 3.

*oktkachenko@yandex.ru

Сохранение и изучение коллекций – обязательный этап в селекции сельскохозяйственных растений. В условиях аномальных погодных стрессов или неблагоприятной фитосанитарной обстановки сохранение коллекции сопряжено с рисками. Не менее важной проблемой является максимально быстрое размножение ценных селекционных образцов и полная реализация генетической рекомбинации в гибридных популяциях. Использование фитотронно-тепличных комплексов (ФТК) позволяет решить многие из поставленных задач.

В Вавиловском университете реализуется программа выращивания на малообъемных гидропонных установках в условиях ФТК полевых культур, в том числе сои, чечевицы, нута, подсолнечника, озимой пшеницы мягкой и озимой тритикале. Изучаются как коллекции ВИР, так и селекционные образцы, созданные в университете. Разработаны способы круглогодичного выращивания растений, в том числе с сокращением продолжительности вегетации. Предложены способы комбинирования методов культивирования растений подсолнечника и озимых злаков *in vitro* и *ex vitro*, позволяющие ускорить переход к генеративной фазе вегетации. Изучено влияние объема выборки на обеспечение необходимого разнообразия морфологических признаков в гибридной популяции озимых злаков. Проведено сравнение потенциала продуктивности коллекционных образцов сои в условиях открытого и закрытого грунта.

На основании полученных данных разработаны рекомендации по использованию ФТК в селекции растений для поддержания коллекций и ускорения селекционного процесса.

КОМПЛЕКСНАЯ ГЕНОМНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МАЛОЧИСЛЕННОЙ ПОПУЛЯЦИИ ДОМАШНЕГО СЕВЕРНОГО ОЛЕНЯ: ОСНОВА СОХРАНЕНИЯ ГЕНОФОНДА

Харзинова В.Р.,* Доцев А.В., Зиновьева Н.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный
исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 142132,
Московская область, Городской округ Подольск, поселок Дубровицы, дом 60

*veronika0784@mail.ru

Сохранение генетических ресурсов северного оленя является приоритетным направлением агропромышленного комплекса России. Тувино-тофаларская популяция домашнего северного оленя – одна из самых южных и малочисленных в России. За последние десятилетия её поголовье сократилось многократно, что требует оценки состояния ее генетического разнообразия для разработки стратегии сохранения. В настоящей работе, на основании комплексного молекулярно-генетического подхода (высокопроизводительное секвенирование, STR-генотипирование и высокоплотное SNP-генотипирование), проведен анализ маркеров, как митохондриального (полные последовательности гена CytB митохондриальной ДНК), так и ядерного (микросателлиты и одиночные нуклеотидные полиморфизмы) генома тувино-тофаларской популяции домашнего северного оленя. В сравнительный анализ включены все официально признанные породы домашнего северного оленя (ненецкая, эвенкийская, эвенская, чукотская) и популяции дикого северного оленя. Установлено, что тувинская популяция характеризуется наличием уникальных (приватных) гаплотипов, что подтверждает её исключительное положение в структуре генетического разнообразия северных оленей. При этом уровень генетического разнообразия по ядерным и митохондриальным маркерам у тувинских оленей существенно ниже, чем у всех остальных исследованных групп, что свидетельствует об их повышенной генетической уязвимости. Анализ генетической структуры (анализ главных компонент, Neighbor-Net, медианные сети) наглядно показали максимальное генетическое расстояние тувинской популяции от других пород. В то же время остальные породы закономерно сгруппировались в соответствии с их географическим происхождением. Таким образом, выявленные генетическая уникальность и низкий уровень внутривидового разнообразия данной популяции свидетельствуют о необходимости рассмотрения присвоения ей статуса самостоятельной породы и организации регулярного геномного мониторинга для предотвращения утраты данного генофонда.

КОЛЛЕКЦИЯ ПАУКООБРАЗНЫХ И МНОГОНОЖЕК ЗИН РАН КАК РЕСУРС ДЛЯ СОВРЕМЕННЫХ ИНТЕГРАТИВНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Логунов Д.В.

Зоологический институт Российской академии наук, Университетская наб., 1, Санкт-Петербург
199034 Россия

Dmitry.Logunov@zin.ru

Доклад посвящен краткому описанию объема, разнообразия и истории коллекции паукообразных (Arachnida) и многоножек (Myriapoda) Зоологического Института РАН (Санкт-Петербург; далее ЗИН). Общий объем коллекций – 100000+ экз. (Myriapoda: ~20000, Arachnida: ~80000). Коллекция многоножек основана первым директором Зоомузея РАН Фёдором Фёдоровичем Брандтом (1802–79), исходно на материалах Кунсткамеры. Позже сильно расширена такими известными специалистами, как Hans Lohmander (1896–1961), который работал с коллекциями в 1920–30х гг., и Сергей Ильич Головач (1952–), работавшим в 1970–80х гг. В настоящее время коллекция Myriapoda насчитывает >550 видов (4% от мирового разнообразия; ~160 представлены типами). Создание коллекции Arachnida начато Алексеем Андреевичем Бялыницким-Бирулей (1864-1937), директором Зоомузея РАН в 1923–29 гг., и Владимиром Владимировичем Редикорцевым (1873–1942). Оба были признанными специалистами в таких группах, как Opiliones, Pseudoscorpiones Scorpiones и Solifugae. В результате, коллекции ЗИНа по этим группам (~400 видов) – лучшие в России! К сожалению, и Бируля, и Редикорцев были репрессированы в 1930х гг., что привело к консервации лаб. паукообразных в 1947 г. Специалист по паукам (Aranei) — Владимир Иванович Овчаренко (1952–) — работал в ЗИНе в 1977–92 гг. В настоящее время коллекция Arachnida ЗИНа насчитывает >1200 видов (~1% от мирового разнообразия; ~450 представлены типами). По объему, это третья коллекция арахнид в России, после Зоомузея МГУ и Института Систематики и Экологии Животных СО РАН (г. Новосибирск). Текущими приоритетами в работе с коллекциями Arachnida и Myriapoda ЗИНа являются: полный аудит и каталогизация, сортировка по видам, активное пополнение и использование коллекций в таксономических и других исследованиях. Даны примеры использования коллекции тарантулов (Lycosidae: Lycosinae) ЗИНа в интегративных таксономических исследованиях.

СОЗДАНИЕ БАНКА IVP ЭМБРИОНОВ И СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТОК ГЕНОФОНДНЫХ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

Сингина Г.Н.,^{1*} Чинаров Р.Ю.¹, Сермягин А.А.², Шедова Е.Н.¹, Жукова А.С.¹, Луканина В.А.¹, Джагоев А.Ю.¹, Гусев И.В.¹

¹ФГБНУ Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132 Россия, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, д. 60

²ВНИИГРЖ – филиал ФГБНУ Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 196625 Россия, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское ш., д. 55а

*g_singina@mail.ru

Криобанкинг и вспомогательные репродуктивные технологии являются важными элементами сохранения генетического разнообразия и программ селекции в скотоводстве. Основными направлениями биобанкирования является сохранение эмбрионов и соматических клеток (СК). В отличие от гамет (сперматозоидов и ооцитов), СК содержат диплоидный геном и обладают более высокой криоустойчивостью. Кроме того, СК являются источником возобновляемой генетической информации, которая может быть реализована впоследствии через репродуктивные технологии, такие как соматическое клонирование и трансплантация эмбрионов. В представленной работе в качестве наиболее предпочтительного типа СК использованы клетки, выделенные из ткани уха животного, так как в этом случае обеспечивается оптимальное сочетание доступности, биологической стабильности и многофункциональности. С использованием усовершенствованного протокола выделения и культивирования клеток получены и заложены в криобанк для длительного хранения культуры СК от 40 животных 7 различных генофондных пород КРС. Также показана возможность результативного клонирования с использованием замороженных СК. Эмбрионы от ценных самок в настоящей работе производили *in vitro* (IVP), что предполагает их развитие из ооцитов, созревших и оплодотворенных в искусственных условиях. Ооциты получали как от живых самок-доноров методом ОРУ, так и *post mortem* (РМ) непосредственно из яичников. В обоих случаях развитие оплодотворенных ооцитов до стадии бластоцисты (эмбриональной стадии пригодной у КРС для замораживания и трансплантации реципиентам) достигала 50%. Результативность зависела от породы и индивидуальных особенностей самок-доноров, включая их репродуктивное здоровье. К настоящему времени получены и заморожены для длительного хранения IVP эмбрионы от коров и телок 8 генофондных пород КРС, а также проведена оценка жизнеспособности части замороженных эмбрионов. Работа выполнена в рамках реализации программы развития Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных (Соглашение № 075-02-2026-1501).

М6А-МЕТИЛИРОВАНИЕ РНК В МОНОЦИТАХ ПРИ РЕВМАТОИДНОМ АРТРИТЕ: СВЯЗЬ С ОТВЕТОМ НА ТЕРАПИЮ МЕТОТРЕКСАТОМ

Балан О.В.^{1*}, Малышева И.Е.¹, Марусенко И.М.², Барышева О.Ю.²

¹ Институт биологии - обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Карельский научный центр Российской академии наук», лаборатория генетики, 185910, Россия, Петрозаводск, ул. Пушкинская, д. 11

² Медицинский институт имени профессора А.П. Зильбера Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Петрозаводский государственный университет», кафедра госпитальной терапии, 85910, Россия, Петрозаводск, пр. Ленина, д. 33

*ovbalan14@gmail.com

Эпитранскриптомные модификации РНК – это один из ключевых механизмов регуляции экспрессии генов, обеспечивающий быструю адаптацию клеток к изменениям микроокружения. Наиболее распространённой модификацией является N6-метилирование аденозина (m6A). Нарушения m6A-зависимой регуляции могут быть связаны не только с развитием широкого спектра воспалительных и аутоиммунных заболеваний, но и оказывать влияние на эффективность проводимой лекарственной терапии.

Цель настоящего исследования - анализ m6A-метилирования РНК и экспрессии генов, кодирующих ключевые регуляторы данной модификации, в циркулирующих моноцитах пациентов с ревматоидным артритом (РА) в дебюте заболевания и на фоне терапии метотрексатом (МТ) в сравнении с контрольной группой условно здоровых доноров.

В исследование приняли участие 102 человека: условно здоровые доноры (возраст – $46,6 \pm 2,7$) и пациенты с РА: до начала терапии (возраст — $55,6 \pm 3,7$), с положительной динамикой на терапию МТ ($56,2 \pm 2,6$) и резистентные к указанному препарату ($59,4 \pm 1,5$). Исследования проводились на циркулирующих моноцитах крови – ключевых эффекторных и регуляторных клетках врождённой иммунной системы.

Уровень m6A-метилирования РНК значимо повышается в моноцитах пациентов с РА в дебюте заболевания в сравнении с условно здоровыми донорами и достигает максимальных значений в группе больных РА с положительным ответом на прием МТ. Экспрессия генов *METTL3* и *WTAP* была значимо выше в моноцитах больных РА, отвечающих на проводимую терапию в сравнении со всеми другими группами. Содержание мРНК генов деметилаз FTO и ALKBH5 достоверно выше у пациентов с неэффективной терапией, что может способствовать снижению уровня m6A-модификаций и поддержанию провоспалительного транскрипционного профиля. Выявлены также различия в экспрессии белков-«ридеров» m6A, в частности YTHDF2, что указывает на возможные нарушения процессов деградации мРНК при отсутствии ответа на лечение.

**ПИТАТЕЛЬНЫЕ, ФИТОХИМИЧЕСКИЕ И АНТИОКСИДАНТНЫЕ СВОЙСТВА
ПРОРОСТКОВ РАЗЛИЧНЫХ ОБРАЗЦОВ МАША (*VIGNA RADIATA* (L.) WILCZEK)
ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР**

Бурляева М.О.^{1*}, Шеленга Т.В.¹, Перчук И.Н.¹

¹ ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова» (ВИР), 190031 Санкт-Петербург, ул. Большая Морская,

42

*m.burlyueva@vir.nw.ru

Vigna radiata известна в мире, благодаря своим вкусовым качествам, питательной ценности, сбалансированному биохимическому составу и полезными для здоровья человека свойствам. В последние годы культура становится все более популярна в разных странах. Известность возрастает благодаря увеличению употребления в пищу проростков маша, особенно среди людей, заботящихся о своем здоровье. В проростках идентифицировано значительное количество соединений, обладающих различными видами биологической активности – антиоксидантной, противодиабетической, противовоспалительной, противомикробной, противовирусной, противоанемической, противоопухолевой и др. Благодаря лечебным свойствам и легкой усвояемости их включают в различные диеты, используют как для функционального, так и лечебно-профилактического питания. В коллекции ВИР представлено мировое генетическое разнообразие культуры, хранится 2131 образец из 48 стран. Мы исследовали репрезентативную выборку из коллекции, максимально охватывающую разнообразие вида – определяли содержание белка в проростках и их метаболомный состав. Причем, анализировали проростки, выращенные на свету и в темноте. В результате выявили широкий набор метаболитов (100 соединений) полезных для здоровья человека и достаточно высокую внутри- и межсортную изменчивость по содержанию этих веществ. Также установили достоверные различия между проростками, выращенными в темноте и на свету, первые отличались более высоким содержанием сахаров, жирных кислот, ацилглицеролов, фенольных соединений, вторые – аминокислот. В наибольшем количестве в проростках были представлены группы метаболитов, участвующие в белковом, углеводном и энергетическом обмене человека – аминокислоты, сахара, сахароспирты, органические кислоты, фенольные соединения, фитостеролы и др. Содержание белка варьировало от 30,0 до 59,5 %. Результаты нашего исследования дают дополнительную информацию о питательной ценности проростков маша различного происхождения, о влиянии условий проращивания на их биохимический состав, что важно при разработке различных диет, направленных на повышение здоровья людей.

ОДИН ПАЦИЕНТ — ОДНА МОДЕЛЬ: НОВАЯ ЛОГИКА И СТРАТЕГИЯ ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ БИОМЕДИЦИНЫ

Леонова Е.И.*, Сопова Ю.В.

Санкт-Петербургский государственный университет, Центр трансгеноза и редактирования генома, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Ботаническая ул., 17.

*e.leonova@spbu.ru

Современная биомедицина требует перехода от универсальных животных моделей заболеваний к персонализированным, учитывающим генетические особенности пациента. Даже в пределах одного гена патогенные мутации могут приводить к различным последствиям, включая блокирование синтеза белка, образование укороченного продукта, его деградацию из-за неправильной конформации или формирование токсичных агрегатов. Поэтому стандартные доклинические модели часто недостаточно информативны для выбора эффективной терапии. В этой связи формируется концепция «один пациент — одна модель», предполагающая создание лабораторных животных с мутацией, идентичной выявленной у конкретного пациента, а также формирование коллекций пациент-специализированных моделей, охватывающих спектр клинически значимых вариантов, с их интеграцией в рутинные исследования для разработки индивидуализированных терапий. Ключевую роль в реализации этого подхода играют современные технологии редактирования генома. Системы CRISPR/Cas обеспечивают эффективное и быстрое внесение целевых изменений. Модификация этих систем путем совмещения с системами редактирования оснований в ДНК позволяет выполнять точечные замены, вставки и делеции без внесения двуцепочечных разрывов, что повышает точность и безопасность лечения. Транспозонные системы, например Sleeping Beauty, расширяют возможности стабильной интеграции генетических конструкций и создания сложных генетических моделей. Пациент-ориентированные модели открывают путь к выбору терапии в зависимости от типа мутации. Отсутствие белка можно скомпенсировать при помощи заместительной генной терапии с использованием вирусных или невирусных векторов для доставки функциональной копии гена. Низкомолекулярные соединения, действующие как молекулярные шапероны, могут стабилизировать мутантный белок, что приведет к восстановлению его функции. Наконец, прямое исправление патогенной мутации возможно *in vivo* с помощью усовершенствованных инструментов CRISPR/Cas. В перспективе внедрение персонализированных генетических моделей в рутинную практику существенно повысит точность диагностики, ускорит разработку таргетных методов лечения и снизит риски неэффективной терапии.

КОЛЛЕКЦИЯ ПРЯНОВКУСОВЫХ И ЛЕКАРСТВЕННЫХ КУЛЬТУР ВИР: СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПОТЕНЦИАЛ

Курина А.Б.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190031 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42,44

nastya_n11@mail.ru

Мировая коллекция пряно-вкусовых и лекарственных растений ВИР начала формироваться с 1930-х годов и является уникальным источником биоразнообразия. В настоящее время она насчитывает 5000 образцов, относящихся к 120 родам и 200 видам из 16 семейств. Наиболее широко представлены семейства Lamiaceae (27,4%) и Asteraceae (17%). Активное пополнение коллекции происходит за счет экспедиций в России, Средней Азии и Закавказье, а также благодаря современным селекционным сортам из Европы и России.

Исследование биохимического потенциала образцов выявило высокую ценность коллекции для селекции и промышленности. Анализ эфирных масел кориандра (208 обр.) показал значительную изменчивость содержания линалоола и позволил выделить коммерчески ценные формы из Абхазии, Грузии и России. При изучении зверобоя продырявленного установлено, что селекционные сорта отличаются стабильным биохимическим профилем, тогда как дикорастущие формы характеризуются повышенным содержанием фенольных соединений, что определяет их адаптационный потенциал. Сравнительная оценка видов *Eruca* и *Diplotaxis* продемонстрировала, что условия выращивания (открытый или защищенный грунт) по-разному влияют на антиоксидантную активность: у рукколы она сильнее зависит от места выращивания, тогда как у двурядника - от генотипа. Изучение цикория корневого выявило источники с высоким содержанием инулина и сахаров, а комплексный анализ четырех видов мяты в условиях Северо-Запада России подтвердил их высокий адаптивный потенциал: при стрессовых температурах наблюдалось снижение хлорофиллов, но рост накопления аскорбиновой кислоты и фенольных соединений.

Таким образом, коллекция ВИР служит надежной базой для создания новых сортов с заданным биохимическим составом, обеспечивая развитие фармацевтической, пищевой и парфюмерно-косметической отраслей. Выделенные перспективные генотипы являются основой для целенаправленной селекции в рамках программ импортозамещения лекарственного сырья.

ОВЕС ПОСЕВНОЙ, КАК ОБЪЕКТ БИОЭКОНОМИКИ РФ

Лоскутов И.Г.,^{1, 2*} Блинова Е.В., Попов В.С., Шеленга Т.В.

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44.

²Санкт-Петербургский государственный университет, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7-9.

* i.loskutov@vir.nw.ru

Овес – одна из наиболее важных зерновых культур, которая имеет пищевое и фуражное значение. Одним из основных направлений современной селекции овса является улучшение качества зерна: достижение высокого содержания белка и масла, с оптимизированным составом аминокислот и жирных кислот, витаминов, макро- и микроэлементов, а также разнообразных биологически активными соединений. Все больше внимание у зерновых культур привлекают антоцианы, как природные антиоксиданты. Зерно с высоким содержанием этих соединений может быть использовано для разработки новых диетических и функциональных пищевых продуктов. В реестре селекционных достижений уже зарегистрировано несколько голозерных сортов овса. Доказано, что голозерные сорта посевного овса имеют ряд преимуществ по сравнению с сортами пленчатыми. Так, в зерне голозерных генотипов содержание белка, масла, β -глюканов, фенольных соединений, фитостеролов и других антиоксидантов достоверно больше чем в зерне пленчатых.

Сравнительное изучение большого набора пленчатых и голозерных образцов овса из коллекции ВИР в различных экологических условиях и в течение ряда лет с использованием различных подходов (биохимический анализ, определение антиоксидантной активности и антоцианов, метаболомное профилирование) выявило большое разнообразие по всем изученным признаками и свойствам. Особый тип фенольных соединений – авенантромиды, найденные в изученном наборе овса, обладают исключительными антиоксидантными и противораковыми свойствами, мощной антигистаминной активностью и снижают риск развития атеросклероза. Кроме того, повышенное содержание биохимических показателей у голозерных сортов было связано с устойчивостью зерна к заражению фузариозом и накоплением микотоксинов.

В результате комплексного скрининга выделены наиболее ценные сорта и образцы для использования в селекции и дальнейшего возделывания, а также для переработки в пищевой и фармакологической промышленности.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-00005, <https://rscf.ru/project/23-76-00005/>

ИПСК И БАЗАЛЬНЫЕ КЛЕТКИ ЛЕГКИХ В СОСТАВЕ БИОБАНКА: ПЛАТФОРМА ДЛЯ МОДЕЛИРОВАНИЯ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИИ НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Кондратьева Е.В.

ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова», Россия,
115522, Москва, ул. Москворечье 1

*kondrateva@med-gen.ru

В рамках формирования коллекции ЦКП «Биобанк» ФГБНУ «МГНЦ» в лаборатории редактирования генома получено 29 линий индуцированных плюрипотентных стволовых клеток (ИПСК) от 16 пациентов с наследственными заболеваниями и их близких родственников. ИПСК были получены из фибробластов кожи и клеток мочевого осадка. Коллекция включает линии с патогенными вариантами, ассоциированными с муковисцидозом, мышечной дистрофией Дюшенна, гликогенозом Ia типа, мукополисахаридозами, наследственной оптической нейропатией Лебера, оссифицирующей прогрессирующей фибродисплазией и др. Все линии прошли комплексную характеристику, зарегистрированы в международном реестре плюрипотентных клеток и используются в исследованиях, связанных с направленной дифференцировкой и редактированием генома.

Для разработки подходов к коррекции патогенных вариантов были получены культуры базальных клеток легкого (БКЛ), дифференцированные из ИПСК пациентов с муковисцидозом, обусловленным гомозиготным вариантом F508del в гене *CFTR*. На первом этапе проведено сравнение различных комбинаций нуклеазы Cas9, направляющих РНК и одноцепочечных донорных матриц для редактирования данного варианта в ИПСК и БКЛ. Наиболее эффективной оказалась система на основе нуклеазы eSpCas9(1.1), обеспечившая уровень коррекции до 6% аллелей в трансфицированных ИПСК и до 20% — в БКЛ.

На следующем этапе был применен альтернативный подход к геномному редактированию на основе Cas9 — праймированное редактирование. Были протестированы две системы прайм-редактора в сочетании с 24 вариантами regРНК. Наиболее эффективная комбинация на основе системы PE2-NG и одной из regРНК обеспечила уровень коррекции в среднем в 23,5% аллелей в БКЛ, полученных от трех пациентов с муковисцидозом.

Полученные результаты показывают, что создаваемая коллекция ИПСК ЦКП «Биобанк» является ценным генетическим ресурсом, пригодным для получения клеточных моделей наследственных заболеваний и разработки подходов к их генетической коррекции.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ДРОЗОФИЛЫ КАФЕДРЫ ГЕНЕТИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ СПбГУ В ОБРАЗОВАТЕЛЬНОМ ПРОЦЕССЕ

Барабанова Л.В.,¹ Грудкова Д.М.,¹ Голубкова Е.В.^{1*}

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

*e.golubkova@spbu.ru

Использование генетических коллекций — неотъемлемая часть образовательного процесса, способствующая формированию у учащегося способности к анализу, критическому оцениванию результатов эксперимента, пониманию студентом логики постановки эксперимента. В первую очередь коллекция линий дрозофилы играет роль учебного материала для проведения практических занятий в рамках читаемого на кафедре курса «Общая генетика», а также служит научным материалом для выполнения студенческих курсовых и дипломных работ. На протяжении долгого времени базовым в генетическом образовании студентов кафедры является курс «Генетический анализ», при этом обязательным условием его проведения наряду с чтением лекций служит логическое дополнение практической частью обучения. В ходе практикума по генетическому анализу студенты решают разнообразные задачи, иллюстрирующие отдельные разделы генетического анализа. Среди разнообразия экспериментальных задач предлагаются задания по взаимной локализации нескольких летальных мутаций в X-хромосоме, а также определение характера наследования нескольких мутаций одновременно в случае их взаимодействия и локализации в разных хромосомах. Решение задач заканчивается оформлением отчета — по сути первой цензовой работы в процессе обучения, которая подготавливает к дальнейшим этапам защиты выпускных квалификационных работ. В курсе «Цитогенетика», который также имеет практическую часть, студенты имеют возможность познакомиться с разными типами хромосом дрозофилы, самостоятельно приготовить прижизненные препараты, проанализировать их на современной микроскопной базе, зафиксировать материал для последующего анализа. Одновременно линии мух дрозофилы используются для проведения научных исследований с участием студентов и аспирантов. По материалам данных исследований было защищено 5 докторских диссертаций, 22 кандидатских диссертации, 14 магистерских, 17 бакалаврских выпускных квалификационных работ и более 50 дипломов специалистов. Генетическая коллекция дрозофилы, поддерживаемая на кафедре генетики и биотехнологии СПбГУ, была и остается бесценным материалом для продолжения традиционных и создания новых, современных направлений исследований.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта СПбГУ «Изучение генетических основ внутривидовой изменчивости, надорганизменных взаимодействий и таксономического разнообразия с использованием биоресурсных коллекций» (ID Pure 115624290).

ИНТЕГРАЦИЯ ПРИНЦИПОВ ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ МЕДИЦИНЫ И ПАЦИЕНТОРИЕНТИРОВАННОГО ПОДХОДА В ОБРАЗОВАТЕЛЬНУЮ ПРОГРАММУ БГМУ

Великомолова Ю.Б.^{1*}, Миннихметова А.И.¹, Ахмадеева Л.Р.²

¹Башкирский государственный медицинский университет, биобанк, 450000, Россия, Уфа, ул. Ленина д. 3.

²Башкирский государственный медицинский университет, кафедра неврологии, 450000, Россия, Уфа, ул. Ленина д. 3.

*biobank@bashgmu.ru

Персонализированная медицина и пациент-ориентированный подход — это два неразрывно связанных, но не идентичных понятия. Их можно рассматривать как философию (пациент-ориентированность) и её научное воплощение (персонализированная медицина).

Подготовка кадров для работы с биокolleкциями образцов человека должна строиться на принципах пациент-ориентированного подхода, что подразумевает не только освоение современных методов создания биокolleкций, но и формирование у специалистов навыков этичного взаимодействия с донорами, уважения к их правам и индивидуальным особенностям.

Башкирский государственный медицинский университет (БГМУ) готовит широкий спектр специалистов в области медицины. Кроме врачей, фармацевтов, специалистов медико-профилактического дела к основным направлениям подготовки в БГМУ относятся биологи, составляющие основу научно-исследовательского потенциала.

Для всех студентов БГМУ, независимо от специальности, научными лабораториями, в том числе и биобанком, читаются лекции, проводятся семинары и квизы на которых освещаются разные аспекты формирования биокolleкций и работы с ними.

Так как пациент является ключевой фигурой при формировании и использовании коллекций биологических образцов человека, все элементы пациент-ориентированного подхода находят отражение в наших занятиях по биобанкированию.

Также наш биобанк проводит профориентационную работу со школьниками, проводя для них экскурсии и лекции, а также участвуя в подготовке победителей муниципального и регионального этапов Всероссийской олимпиады школьников по биологии к следующим этапам.

Таким образом, биобанк, выступая платформой для объединения традиционных медицинских подходов с современными омиксными технологиями, наглядно демонстрирует современный переход к персонализированной медицине.

Знание принципов персонализированной медицины открывает школьникам и студентам ряд ключевых возможностей и формирует новые профессиональные компетенции. а специалистов по работе с биокolleкциями превращает из технических исполнителей в активных участников развития передовых медицинских технологий. Такой подход обеспечивает высокое качество и востребованность биологических образцов для науки и здравоохранения.

СОТРУДНИК В КОЛЛЕКЦИЮ КЛЕТОЧНЫХ КУЛЬТУР. НАЙТИ И НЕ ПОТЕРЯТЬ

Кольцова А.М.^{*}, Хотин М.Г., Малашичева А.Б., Михайлова Н.А.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии Российской академии наук, Россия, Санкт-Петербург, Тихорецкий проспект, д. 4

*koltsova.am@mail.ru

Сотрудники – главный актив любой компании. Их квалификация, опыт и вовлеченность в рабочий процесс всегда были и остаются залогом успеха и высоких результатов.

Независимо от уровня безработицы, кадровый голод на рынке труда остается постоянным трендом, а работодатели не перестают собеседовать нескончаемый поток соискателей в поисках подходящих кадров. Но выбирает не только работодатель, но и сотрудник. Существует целый ряд видов мотивации и только их грамотное сочетание с учетом психотипа сотрудника приводит к длительному и эффективному сотрудничеству компании и ее работников.

Проблема кадров актуальна и для научных организаций. При этом готовность заведующих лабораторий брать сторонних соискателей только на основании резюме минимальна, т.к. он заинтересован не просто в высококвалифицированном специалисте, а в вовлеченном в проблематику исследований сотруднике. Концепция «сделай сам» при поиске персонала, как показывает опыт, остается наиболее предпочтительной. Обучение студентов на базе научных лабораторий обеспечивает их практическую методическую подготовку и дает время определиться в верности выбора области деятельности, как новому сотруднику, так и работодателю.

Вопросы нехватки кадров для поддержания работы биологических коллекций обсуждается регулярно и решение зачастую связывают с повышением фонда заработной платы. Однако, не стоит пренебрегать и другими факторами. На примере опыта Коллекции культур клеток позвоночных видно, что работа в биоресурсной коллекции по сравнению с иными научными подразделениями имеет свои особенности. Стабильно высокое качество материалов и услуг, предоставляемых коллекцией, сопряжено с выполнением четких инструкций и стандартов, часто лишенных столь привлекательного для сотрудника «научного поиска», делая работу рутинной. Вопросы поддержания мотивации и заинтересованности сотрудников коллекции для работы на длинной дистанции стабильно актуальны, а их решение требует разработки системного подхода и стратегического планирования.

ПОДГОТОВКА КАДРОВ ВЫСШЕЙ КВАЛИФИКАЦИИ ДЛЯ РАБОТЫ С БИОЛОГИЧЕСКИМИ КОЛЛЕКЦИЯМИ В ЖИВОТНОВОДСТВЕ: ИТОГИ ТРИДЦАТИЛЕТИЯ

Ершова А.И., Зиновьева Н.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный
исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста»,
Национальный центр генетических ресурсов сельскохозяйственных животных, 142132,
Россия, Московская область, пос. Дубровицы, д. 60.

smi@vij.ru

Биологические коллекции сельскохозяйственных животных служат основой для селекции, сохранения биоразнообразия и развития генетических технологий. Однако эффективная работа с такими коллекциями невозможна без квалифицированных кадров: специалистов, способных пополнять, оцифровывать, паспортизировать и анализировать коллекционные образцы с использованием современных молекулярно-генетических методов. Комплексный количественный и структурный анализ диссертационных работ в области разведения, селекции, генетики и биотехнологии животных за 1996–2025 годы позволил выявить острый дисбаланс в системе подготовки кадров высшей квалификации, напрямую влияющий на кадровое обеспечение работы с коллекциями. Соотношение кандидатских и докторских диссертаций составляет 4:1, что свидетельствует о стагнации научных школ и дефиците специалистов высшего уровня, способных руководить коллекциями и обеспечивать методологическую преемственность. Кроме того, выявлена диспропорция между прикладными и фундаментальными исследованиями — более 70% работ ориентированы на сиюминутный хозяйственный эффект, а не на системное изучение и сохранение биоразнообразия. Институциональные барьеры, включая высокую ресурсоемкость современных генетических исследований, необходимость доступа к уникальному коллекционному материалу и практику академического инбридинга, дополнительно сужают приток новых кадров в обозначенную сферу. Таким образом, ретроспективный анализ кадрового потенциала помогает выработать подходы к обучению специалистов, способных работать с биологическими коллекциями на современном уровне.

СИСТЕМНАЯ ПОДГОТОВКА И ПЕРЕПОДГОТОВКА ПРОФЕССИОНАЛЬНЫХ КАДРОВ НА БАЗЕ БРЦ «КОЛЛЕКЦИЯ ИЭГМ»

Ившина И.Б. *, Куюкина М.С. **, Криворучко А.В., Плотницкая Н.А.

Пермский федеральный исследовательский центр УрО РАН, 614990, Россия, Пермь, ул.
Ленина, д. 13А.

*ivshina@iegm.ru, **kuyukina@iegm.ru

На фоне развития биоэкономики наряду с нарастанием объема востребованных фондов микробиологических ресурсов повышается потребность в доступных современных информационных системах и адекватном сопровождении микробных культур в соответствии с международными стандартами. Однако сегодня в мире круг высококвалифицированных специалистов-микробиологов, умеющих выстраивать подобные информационные конструкции, крайне узок. Многие российские коллекции микроорганизмов испытывают трудности в методическом и методологическом обеспечении процессов оценивания качественного состава поддерживаемых генофондов и нуждаются в информационно-методической помощи. Для обеспечения эффективной работы, длительной и стабильной безопасности существования микробных коллекций нового поколения требуется системная подготовка и переподготовка специалистов-микробиологов. БРЦ «Коллекция ИЭГМ» реализует специальный курс «Биоресурсные коллекции микроорганизмов немедицинского профиля: стратегии выживания и развития». Программа повышения квалификации профессиональных кадров в области коллекционного дела направлена на совершенствование и развитие у участников процесса уже имеющихся профессиональных компетенций, необходимых для разработки и реализации стратегий устойчивого развития и повышения конкурентоспособности биоресурсных коллекций микроорганизмов немедицинского профиля. Обучающий курс охватывает освоение принципов классификации прокариот, современные методы молекулярного анализа и генетические технологии, теоретические основы и международные протоколы долгосрочного хранения, контроля качества и подлинности коллекционных штаммов, а также нормативное регулирование, документооборот, ведение информационных баз данных и стратегии управления, развития и коммерциализации услуг биоресурсных коллекций микроорганизмов. Наряду с лекциями с использованием компьютерных презентаций включает практическую часть с помощью интерактивных заданий и различных форм индивидуальной работы. Срок освоения программы составляет 72 часа. Реализация программы завершается итоговой аттестацией слушателей с включением оценки знаний и обратной связи.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Соглашение № 075-15-2025-485).

АНАЛИЗ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОМА ВЫМЕРШЕГО РОССИЙСКОГО ЭНДЕМИКА – СТЕЛЛЕРОВА БАКЛАНА *URILE PERSPICILLATUS*

Стариков И.Ю.,^{1,2*} Флоренская Л.К.,³ Иванова А.О.,^{4,5} Боцманов Е.И.,^{4,5} Крицкий А.А.,⁴
Высоцкий В.Г.,¹ Пантелеев А.В.,¹ Северинов К.В.^{4,5}

¹Зоологический институт РАН, Лаборатория орнитологии, 199034, Россия, Санкт-Петербург,
Университетская наб., д. 1.

²Институт биологии Карельского научного центра РАН, Лаборатория зоологии, 185030,
Россия, Петрозаводск, пр. Александра Невского, д. 50.

³Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет),
Физтех-школа биологической и медицинской физики, 141701, Россия, Долгопрудный,
Институтский пер., д. 9.

⁴ООО "Биотехнологический кампус", 117437, Россия, Москва, ул. Миклухо-Маклая, д. 16/10
корп. 16

⁵Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН,
Лаборатория биоинформационных методов комбинаторной химии и биологии, 117437, Россия,
Москва, ул. Миклухо-Маклая, д. 16/10

*ivan.starikov@zin.ru

Стеллеров баклан *Urile perspicillatus* (Pallas, 1811) – эндемик Командорских островов, открытый участником Второй камчатской экспедиции Георгом Стеллером. Уже в 1852 году вид полностью вымер по вине человека. В музеях мира сохранилось всего шесть чучел, два наилучшего качества – в ЗИН РАН. До настоящего времени не было получено генетических последовательностей от данного вида. С этой целью нами использованы оба чучела из коллекции ЗИН РАН и костный материал из раскопок. Из успешно выделенной ДНК проводили подготовку библиотек, полногеномное секвенирование осуществляли на NGS-секвенаторе DNBSEQ-T7. Наилучший результат показал образец из чучела ZIN138179, поступившего в Зоологический музей в 1841 году, на основе которого проведена сборка митогенома *de novo* и его аннотация. Митогеном имеет стандартную кольцевую структуру и состоит из 13 белок-кодирующих генов, двух генов рРНК, 22 генов тРНК и контрольного региона, последний прочитан фрагментарно. Нуклеотидный состав выглядит следующим образом: 32,1% С, 31,5% А, 22,6% Т, 13,7% Г. Наиболее часто используемыми кодонами оказались СТА, СГА и ТСА, кодирующие лейцин, аргинин и серин соответственно. Частичные митогеномы получены от всех шести изученных особей, между которыми выявлены незначительные различия по однонуклеотидным полиморфизмам. Филогенетический анализ проводился на основе митогеномов без контрольного региона и отдельных маркеров для сравнения с другими представителями семейства баклановые. Полученные данные подтверждают монофилию родов *Urile* и *Phalacrocorax*. Ближайшими родственниками стеллерова баклана оказались берингов и краснолицый бакланы, чьи ареалы включают в себя Командорские острова. Датированное байесовское дерево показало появление ветви *U. perspicillatus* приблизительно 7,6 млн лет назад. Полученные результаты позволяют уточнить филогенетическое положение стеллерова баклана, ранее известное лишь по морфологическим данным, и проливают свет на эволюцию баклановых в целом.

АРХЕОГЕНЕТИКА ЯРОСЛАВСКОГО СКОТА: АНАЛИЗ ДИНАМИКИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИЗМЕНЕНИЙ

Абдельманова А.С.,^{1*} Форнара М.С.¹, Яворская Л.В.², Энговатова А.В.², Зиновьева Н.А.¹

¹Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, 142132, Россия, Московская область, Городской округ Подольск, поселок Дубровицы, д. 60.

²Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт археологии Российской академии наук, 117292, Россия, Москва, ул. Дм. Ульянова, д. 19.

* abdelmanova@vij.ru

Современный генофонд большинства пород сельскохозяйственных животных сформировался в результате проводимой человеком направленной селекционной работы. Идентификация участков генома, связанных с экономически значимыми признаками, и анализ изменений, накопившихся в них на протяжении длительного времени, поможет углубить понимание эволюции генома продуктивных животных.

Для создания систем устойчивого животноводства в условиях меняющегося климата важно проследить изменения генома животных под действием разных факторов, в том числе смены систем хозяйствования, перехода от экстенсивного к интенсивному сельскому хозяйству. Повышение силы давления отбора при пороодообразовании приводит к уменьшению генетического разнообразия, что в совокупности с изменением систем хозяйствования может менять геном и приводить к эрозии ценных генетических вариантов, связанных с приспособительными качествами.

В условиях современного мира, характеризующихся значительными изменениями, включая климатические сдвиги, рост численности населения и интенсификацию производства, для создания устойчивых систем животноводства важно проследить изменения в геноме животных под действием разных факторов, в том числе смены систем хозяйствования, перехода от экстенсивного к интенсивному сельскому хозяйству.

Анализ образцов, обнаруженных в ходе археологических изысканий, позволяет выявить геномные варианты, обуславливающие отличия современных пород от предковых популяций, в том числе в части развития устойчивости к заболеваниям, регуляции роста и развития организма, а также продуктивных качеств. Это даёт возможность проследить динамику геномных изменений, сопровождавших формирование хозяйственно-полезных признаков, с целью последующего управления геномом и конструирования желательных генотипов в породе.

**ДНК ШТРИХКОДИРОВАНИЕ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ НА ОСНОВЕ NGS-
СЕКВЕНИРОВАНИЯ ОБРАЗЦОВ ИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ИМЕНИ
Н. И. ВАВИЛОВА – ПРОИСХОЖДЕНИЕ ПОЛИПЛОИДОВ И ГИБРИДОВ
КУЛЬТИВИРУЕМЫХ РАСТЕНИЙ**

Гнутиков А.А.^{1,2}, Носов Н.Н.², Пунина Е.О.¹, Блинова Е.В.¹, Ковалева О.Н.¹, Сафонова И.В.¹,
Лоскутов И.Г.¹, Родионов А.В.²

¹ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР),
190031, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42-44.

²ФГБУН Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, 197022, Россия, Санкт-Петербург, ул.
Проф. Попова, д. 2.

*alexandr2911@yandex.ru

Значение гибридизации в эволюции растений чрезвычайно велико. Гибридизация способствует увеличению биологического разнообразия на Земле, поставляя обильный материал для естественного отбора, и играет весьма существенную роль в селекции культивируемых растений. По данным сравнительной геномики известно, что во всех филогенетических ветвях наземных растений неоднократно происходили акты полногеномной дупликации (полиплоидизации), как правило сопровождавшей события межвидовой гибридизации. И если ранее о гибридном происхождении могли предполагать на основании необычного сочетания таксономически значимых признаков и/или разном положении таксонов относительно друг друга на филогенетических деревьях (построенных по хлоропластным и ядерным маркерам), сегодня появилась возможность это делать путем локус-специфичного секвенирования мультикопийных генов на платформе Illumina (NGS – секвенирование следующего поколения) и выявлять процессы гибридизации, гибриды и их родителей даже тогда, когда с точки зрения морфологии гибридное происхождение объектов весьма неочевидно. В качестве маркеров для филогенетических реконструкций в сложных и сильно гибридизированных группах, наиболее часто используют ITS-последовательности кластера 35S рДНК. Объектами наших исследований являются представители важнейшего для человечества семейства растений – злаки (Poaceae), как произрастающие в природе, так и культивируемые виды и сорта, а новизна подхода состоит в том, что впервые с помощью NGS-секвенирования мы проводим изучение закономерностей накопления мутаций и процессов изогенизации повторенных последовательностей в кодирующих и некодирующих рибосомных РНК в составе генов 35S рРНК у никогда ранее не исследованных объектов, в том числе видов из родов *Avena*, *Hordeum*, *Secale* и др. В докладе будут приведены результаты исследований происхождения и современного состояния геномных композиций образцов видов и сортов из генетической коллекции ВИР. Работа выполнена в рамках госзадания № FGEM-2022-0009.

ДНК ШТРИХКОДИРОВАНИЕ СЛЕДУЮЩЕГО ПОКОЛЕНИЯ НА ОСНОВЕ NGS-СЕКВЕНИРОВАНИЯ ГЕРБАРНЫХ ОБРАЗЦОВ И ОБРАЗЦОВ ИЗ ЖИВОЙ КОЛЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ БОТАНИЧЕСКОГО САДА ПЕТРА ВЕЛИКОГО

Родионов А.В.^{1,2}, Гнутиков А.А.^{1,3}, Домашкина В.В.^{1,2}, Носов Н.Н.¹, Пунина Е.О.¹, Романова Е.Л.¹, Сухов А.¹, Шульженко И.Н.¹, Калугин Ю.Г.¹, Шнеер В.С.¹

¹ Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, 197022, Россия, Санкт-Петербург, ул. Проф. Попова, д. 2.

² Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9.

³ Всероссийский институт генетических ресурсов растений, 190000, Россия, St-Petersburg.

* avrodionov@mail.ru

Стандартный ДНК-штрихкод животных – фрагмент гена CO1 оказался неприменим для растений ввиду низкой и неравномерной скорости мутирования – в 10-100 раз меньшей, чем у млекопитающих. Разные последовательности хлоропластного генома и район ITS генов 35S рРНК чаще всего используют в качестве маркера для ДНК-штрихкодирования у растений. Появление новых технологий секвенирования, таких как NGS и геномный скимминг породило новые направления, получившие названия “extended DNA barcode” и “mega-barcoding”. В основе этих подходов лежит предположение, что ДНК-штрихкодирование растений нужно проводить путем одновременного анализа многих разных генов в хлоропластном и/или ядерном геноме. Наш подход принципиально иной. Мы исходим из фундаментальной особенности механизмов видообразования у растений: В истории всех растений и их предков неоднократно повторялся цикл: межвидовая гибридизация/полиплоидизация генома – геномный шок (всплеск изменчивости генома и транскриптома), стабилизация генома на стадии эуполиплоида или вторичная диплоидизация и «фракционирование» генома (потеря части генов). Затем вновь межвидовая гибридизация и т.д. Сейчас в разных семействах растений 15-50% видов – недавние полиплоиды, все остальные виды – палеополиплоиды. Отсюда следует: индикатором вида у растений является не конкретная маркерная последовательность ДНК (ДНК-штрихкод), а сочетание ДНК-штрихкодов, полученных растением от его недавних предков. После локус-специфичного NGS-секвенирования ITS мы получаем 10-20 тыс. прочтений («ридов») ITS1 или ITS2, отражающих всё разнообразие ITS в исследуемом геноме/образце. Каждый вариант (ZOTU) называем риботипом. Среди них есть такие, которые среди ридов встречаются с частотой 99,9%, 50%, или 0,01%. Сочетание риботипов позволяет выявлять гибриды и определять предков современных видов с аллополиплоидными геномами. В докладе будут приведены результаты конкретных исследований происхождения растений из живой коллекции БИН РАН и гербарных образцов гербария LE. Работа выполнена в рамках госзадания 124020100136-0.

КОЛЛЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ В КОНТЕКСТЕ ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ (НА ПРИМЕРЕ ЯЧМЕНЯ)

Семилет Т.В.*, Чухина И.Г., Ковалева О.Н., Шипилина Л.Ю., Швачко Н.А., Хлесткина Е.К.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических
ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург,
ул. Большая морская 42,44

*t.semilet@vir.nw.ru

Потенциал коллекции генетических ресурсов растений ВИР не ограничивается только использованием в селекции, коллекция – источник моделей для сравнительных биохимических, физиологических, генетических, геномных и омиксных исследований. Задокументированные и охарактеризованные образцы коллекции, их разнообразие – это референсный материал для установления таксономической принадлежности и более детальных характеристик неидентифицируемого или слабоидентифицируемого материала. К последнему относятся археологические находки – скопления древних семян, выявляемые археологами. В скоплениях семян зерновых культур, предоставляемых археологами для идентификации в ВИР, лишь часть материала идентифицируется путем морфологической оценки с точностью до рода, еще меньше – до вида, более детальная характеристика вовсе невозможна без генетического анализа. В докладе на примере использования методов работы с древней ДНК ячменя демонстрируется: разработанный ДНК-тест для установления принадлежности плохо сохранившихся остатков карбонизированных семян к роду *Hordeum* L., выявление характеристик уточняющих видовую принадлежность и реконструкция морфологии колоса на основе анализа ДНК из карбонизированных семян. Если для решения этих задач в качестве референсов подходят типичные представители таксонов, то для глубоких географических исследований наиболее ценный сравнительный материал – староместные сорта коллекции генетических ресурсов растений ВИР, имеющие широкое географическое происхождение. Использование староместных сортов из коллекции ВИР для палеогенетических исследований, сравнение отдельных фрагментов генов доместикации у образцов ВИР и археоботанических находок позволяет приоткрыть новые страницы земледелия, сделать выводы о событиях, сопровождающих доместикацию растений и распространение культурных растений. В свою очередь, исследования археоботанических находок на примере древних зерновок ячменя раскрывает потенциал коллекции и наглядно демонстрирует как современные технологии и методы совместно с историческим коллекционным материалом позволяют взглянуть на объекты через призму других наук и дают развитие новым междисциплинарным исследованиям и стимулируют развитие частной молекулярной генетики отдельных культур.

ПРОТОЧНАЯ ЦИТОМЕТРИЯ РАСТЕНИЙ В ИССЛЕДОВАНИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ: ВОЗМОЖНОСТИ, ПЕРСПЕКТИВЫ, ПРОБЛЕМЫ

Скапцов М.В.

Алтайский государственный университет, Южно-Сибирский ботанический сад, 656049,
Россия, Барнаул, проспект Ленина, д. 61, к. 217.

mr.skaptsov@mail.ru

Проточная цитометрия растений перспективный метод, используемый в генетике, эволюции, систематике, физиологии и биохимии растений для анализа и количественной оценки различных клеточных и ядерных характеристик. Ключевое преимущество проточной цитометрии растений — способность быстро и точно исследовать содержание ДНК (2С) растений, которое в последующем интерпретируется в зависимости от задачи на плоидность, размер генома, хромосомные перестройки. Однако в отечественных коллекциях данный метод крайне недооценён или слабо представлен. Проточная цитометрия открывает новые перспективы в работе с гербарными и семенными коллекциями, а также коллекциями *in vitro* и *ex situ*, дополняет существующие подходы или устраняет их ограничения. Если говорить о гербарных коллекциях, то исследование размера генома и плоидности крайне ограничено, однако возможно. Содержание ДНК относительно точно можно определить у образцов не старше пяти лет, тогда как плоидность возможно оценить на гораздо более старых образцах, при соблюдении условий хранения и в зависимости от родовой принадлежности. С некоторыми ограничениями для данной задачи можно использовать семена. В коллекции семян возможно контролировать состояние зародыша и эндосперма, для оценки сохранности единицы коллекции, а также проводить оперативный скрининг коллекций. В коллекции *in vitro* методом проточной цитометрии возможно контролировать соматическую изменчивость на геномном и хромосомном уровне, или наоборот проводить отбор соматических вариантов. В интродукции данный метод подходит для исследования чистоты коллекции, контроля за межвидовой гибридизацией или же отбора случайных гибридов с целью селекции. Проточная цитометрия решает многие другие задачи, в основе которых лежит изменчивость в содержании ДНК. Метод имеет высокий потенциал в работе с генетическими коллекциями, выступая мощным инструментом не только для рутинного анализа, но и для крупномасштабных скрининговых исследований.

СПОСОБ ПОВЫШЕНИЯ КАЧЕСТВА ОЦЕНКИ СЕЛЕКЦИОННОГО МАТЕРИАЛА ЛУНОЧНОГО ПОСЕВА ЛЬНА-ДОЛГУНЦА

Симагин А.Д., * Симагина А.С., Середа П.А., Вертикова Е.А.

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А.Тимирязева»
ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Кафедра генетики, селекции и
семеноводства 127434, Россия, Москва, Тимирязевская ул., 49.

* alexander.d.simagin@yandex.ru

Луночный посев льна был и остается одним из самых эффективных методов оценки отобранного материала в селекции льна-долгунца. Лен-долгунец имеет небольшое количество полиморфных признаков, которые позволяют провести эффективную оценку качества отбора стандартным полевым наблюдением. С развитием генетических технологий в сельском хозяйстве стало возможно оценивать полиморфизм между особями на уровне генома, что является крайне актуальным при выведении новых сортов льна-долгунца.

На кафедре генетики, селекции и семеноводства ФГБОУ ВО РГАУ МСХА имени К.А. Тимирязева были подобраны SSR маркеры, которые способны указать на полиморфизм среди образцов льна-долгунца. SSR маркеры подбирали по статьям ведущих научных учреждений (ФГБНУ ФНЦ ЛК, ФГБНУ ВНИИМК, ИГиЦ НАН Беларуси, Case Western Reserve University). Было выявлено, что совмещение полевого луночного посева и проверки полиморфизма с использованием SSR маркеров (Flu 25, lu 8 и т.д.) позволяет эффективнее выявлять расщепляющиеся образцы.

ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ВИРУСА МОЗАИКИ ЛИСОХВОСТА (FoMV) ДЛЯ VIGS У ПШЕНИЦЫ

Груздев И.В.,^{1,2*} Полховская Е.С.,^{1,2} Болотина А.А.,² Москалев Е.А.,^{1,2} Киров И.В.^{1,2}

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии,
Лаборатория маркерной и геномной селекции растений, 127550, Москва,
ул. Тимирязевская, д. 42

²Московский физико-технический институт, Лаборатория системной геномики и мобиломики
растений, 141701 г. Долгопрудный, Институтский пер., д. 9, стр. 7.

*gruzdev82mtz@mail.ru

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum* L.) является главной продовольственной культурой для большей части населения Земли. Современные мировые вызовы требуют совершенствования сортов этой культуры с целью повышения урожайности и улучшения качества продукции. Не смотря на успехи генетики и селекции пшеницы многие генетические факторы, детерминирующие формирование количественных и качественных характеристик урожая, остаются неизученными. В частности, многие гены с экспрессией на разных стадиях развития зерновки до недавнего времени не были аннотированы в геноме пшеницы. Между тем, в процессе совершенствования методов геномных исследований создана мощная база генетических данных. Однако функциональная аннотация генов существенно отстает от секвенирования их последовательностей ввиду несовершенства методов функциональной генетики. Классическими методами функциональной генетики являются использование мутантных форм, а также генетическая трансформация, сопряженные с рядом трудностей. Существенно повысить эффективность функционально-генетических исследований развития зерновки позволяет использование вирус-индуцированного сайленсинга генов (virus-induced gene silencing, VIGS). В подавляющем большинстве исследований VIGS на пшенице был осуществлен при помощи вируса полосчатой мозаики ячменя (BSMV). В отличие от BSMV вирус мозаики лисохвоста (FoMV) является однокомпонентным и благодаря своей структуре может быть модифицирован последовательностями до нескольких сотен оснований. Для проверки возможности использования FoMV в качестве вектора для VIGS на пшенице нами была модифицирована плазида, несущая последовательность FoMV (<https://www.addgene.org/234811>), путем вставки последовательности консервативной области гена фитоендесатуразы пшеницы (*TaPDS*) для его сайленсинга. Созданная конструкция была использована для заражения растений пшеницы нескольких сортов, вирусными частицами, наработанными в растениях *N. benthamiana*. Наличие инфекции FoMV было установлено путем ОТ-ПЦР у всех образцов, однако фотообесцвечивание отмечено только у растений сортов Учитель и Злата. Исследование проведено при поддержке Российского научного фонда в рамках гранта № 25-26-00167.

ПРОВЕДЕНИЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ В УСЛОВИЯХ ПРАВОВОГО РЕГУЛИРОВАНИЯ БИОРЕСУРСНЫХ ЦЕНТРОВ И БИОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ

Щербакова В.А*., Кочкина Г.А., Иванов С.В.

ФИЦ ПНЦБИ РАН, Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина
РАН (142290, Московская область, г. Серпухов, г. Пущино, пр-кт Науки, д. 5)

*vshakola@mail.com

В современных условиях успехи ученых в биологии и смежных областях во многом определяются доступностью для научного сообщества качественно отобранных, охарактеризованных биологических объектов и генетических ресурсов, сохраняемых и поддерживаемых в современных биоресурсных центрах (БРЦ) и биологических (биоресурсных) коллекциях (БРК), а также правовым регулированием данной области.

В России принят Федеральный закон от 30.11.2024 № 428-ФЗ «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона «О животном мире», призванный регламентировать вопросы создания и деятельности БРЦ и БРК. Закон призван создать комплексную систему управления и контроля над биологическими ресурсами страны, обеспечивая их сохранение и эффективное использование в научных, образовательных и иных национальных целях.

Микробиологические ресурсные центры и коллекции, объединенные в информационные сети и включающие депозитарии культур, научные и сервисные подразделения, рассматриваются в качестве ключевых элементов инфраструктуры современной биологической науки и экономики, ориентированной на «зеленые» технологии. Многочисленные прогнозы экспертов свидетельствуют о том, что в ближайшие годы поток новых микроорганизмов, требующих сохранения в коллекциях с целью их дальнейшего изучения и использования, будет лавинообразно нарастать.

В представленном докладе будут отражены основные законоположения, которые будут определять деятельность коллекций микроорганизмов: условия создания на базе научных организаций БРЦ и БРК и правовые основы их функционирования, а также будет представлен анализ новелл законодательства, которые оказывают непосредственное влияние на проведение микробиологических исследований в современных условиях.

БИОРЕСУРСНЫЕ КОЛЛЕКЦИИ СРЕДНЕГО УРАЛА В ОБЕСПЕЧЕНИИ ТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО СУВЕРЕНИТЕТА В СЕЛЬСКОМ ХОЗЯЙСТВЕ РОССИИ

Сайнакова А.Б.,^{1*} Макаренко С.А.¹

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук»;
620061, г. Екатеринбург, пос. Исток, ул. Главная, 21

*sabsenter@mail.ru

ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр УрО РАН» является биоресурсным центром. Деятельность направлена на формирование, сохранение, развитие, изучение биоресурсных коллекций сельскохозяйственных культур и ведет селекцию сельскохозяйственных растений с 1934 года. Селекционерами ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН создано более 600 сортов, в Государственном реестре сортов и гибридов, допущенных к использованию 314 сортов, из которых 106 защищено патентами. В 2025 году заключено 464 исключительных и неисключительных лицензионных договоров.

Селекция зерновых, зернобобовых, кормовых, плодовых, ягодных культур и картофеля осуществляется в трех филиалах и двух структурных подразделениях.

В ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН в разных экологических зонах поддерживаются генетические коллекции зерновых и зернобобовых культур в объеме 2780 сортообразцов, кормовых – 639, картофеля – 600. Поддерживается коллекция сортообразцов картофеля *in vitro* - 320.

В 2017 году зарегистрирована и поддерживается Уникальная научная установка коллекции живых растений открытого грунта «Генофонд плодовых, ягодных и декоративных культур на Среднем Урале» (Свердловская ССС ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН г. Екатеринбург), объем которой по 15 культурам составляет 2039 сортообразцов и гибридный фонд 70615 семян.

По 53 договорам о научном сотрудничестве Свердловская селекционная станция садоводства – структурное подразделение ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН оказывает услуги и осуществляет деятельность с питомниководческими организациями и товаропроизводителями, отечественными и зарубежными научно-исследовательскими учреждениями, ВУЗами, ботаническими садами, агроклассами по обмену генетическим материалом, экологическому испытанию сортов, внедрению, продвижению и популяризации научных достижений.

Основные задачи УрФАНИЦ УрО РАН – сохранение, изучение и пополнение биологического разнообразия коллекций сельскохозяйственных культур; сотрудничество с отечественными и международными учреждениями с учетом национальных интересов.

КОЛЛЕКЦИИ ПЕРВИЧНЫХ КУЛЬТУР КЛЕТОК: БАНКИРОВАНИЕ, КУЛЬТИВИРОВАНИЕ И ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ПАТОЛОГИЙ ЧЕЛОВЕКА

Малашичева А.А.,* Флорен Д.Д., Кольцова А.М.

Институт Цитологии РАН, 194064, Россия, Санкт-Петербург, Тихорецкий пр., д. 4.

*malashicheva@incras.ru

Первичные культуры клеток, несмотря на трудоёмкость получения, наиболее адекватно воспроизводят физиологические и патологические процессы *in vivo*, что делает их незаменимым инструментом современной клеточной и молекулярной биологии. В отличие от иммортализованных линий, они сохраняют исходный генотип, фенотип и тканеспецифичные свойства.

В Институте цитологии РАН (Санкт-Петербург) создан обширный банк первичных клеток человека различного происхождения: остеобласты, мезенхимные клетки из десны, лёгкого и печени, эндотелиальные клетки разных сосудистых территорий, а также мезотелиальные клетки. Параллельно мы получаем индуцированные плюрипотентные стволовые клетки (иПСК) от пациентов с наследственными и мультифакториальными заболеваниями.

Сформированная коллекция позволяет:

- банкировать клетки ранних пассажей с сохранением их дифференцировочного потенциала;
- культивировать их в оптимизированных условиях, максимально приближенных к микроокружению;
- применять генетические технологии (редактирование генома CRISPR/Cas9, трансдукцию репортёрных конструкций) для моделирования патологий человека.

Сочетание широкого спектра первичных культур и иПСК-моделей создаёт уникальную платформу для изучения механизмов остеогенеза, фиброза, ангиогенеза и рака, а также для доклинического тестирования таргетных препаратов. Развитие коллекции будет способствовать переходу персонализированной медицины от фундаментальных исследований к практическому применению.

**БИОРЕСУРСНЫЙ ЦЕНТР «КОЛЛЕКЦИЯ МОРСКИХ МИКРООРГАНИЗМОВ
ТИБОХ ДВО РАН» - НАУЧНАЯ ПЛАТФОРМА ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ МИКРОБНЫХ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ОКЕАНА И РАЗВИТИЯ ПРИРОДОПОДОБНЫХ
ТЕХНОЛОГИЙ**

Исаева М.П.

Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова ДВО РАН, Лаборатория
морской биохимии, 690022, Россия, Владивосток, Проспект 100 лет Владивостоку, 159

issaeva@gmail.com

Биоресурсные коллекции являются важнейшим элементом современной национальной исследовательской инфраструктуры, обеспечивая биобезопасность и технологическую независимость страны на основе сохранения и изучения биологического разнообразия, а также создания условий для развития генетических и природоподобных технологий. Коллекция Морских Микроорганизмов (КММ) ТИБОХ ДВО РАН представляет собой хранилище генофонда морского микробного разнообразия, включающего 4280 штаммов бактерий и 1071 штамм грибов объявленного фонда и более 15000 штаммов необъявленного фонда. Коллекция специализируется на морских гетеротрофных бактериях и микроскопических грибах, выделенных из образцов морской среды во время многочисленных научных морских экспедиций, включая Арктику и Антарктику. По численности и видовому разнообразию микроорганизмов КММ входит в число шести крупнейших международных коллекций и служит стратегическим запасом морских микробных генетических ресурсов в стране и мире. КММ является также коллекцией биотехнологического типа. Она содержит продуценты биополимеров и биоактивных соединений, представляющих интерес для разных секторов биоэкономики. В коллекции находятся штаммы-продуценты щелочных фосфатаз, сульфатаз, каррагиназ, фукоиданаз, нуклеотидкиназы, пептидазы и др., а также соединений таких как изокумарины, дикетопиперазины, сахаротриксмицины, стрептоциннамиды и др. – Наделение ТИБОХ ДВО РАН официальным статусом биоресурсного центра свидетельствует не только о признании мировых достижений в области морской микробиологии, но и дальнейшей роли Института в сохранении, изучении и использовании микробных генетических ресурсов Мирового океана.

В докладе будут представлены результаты реализации проектов МИНОБРНАУКИ по поддержке биоресурсной Коллекции Морских Микроорганизмов в рамках ФНТП развития генетических технологий на 2019-2030 годы.

Исследование поддержано Грантом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации 15.БРК.25.14 (соглашение № 075–15-2025-467).

ИНВАЗИЯ ГИГАНТСКИХ БОРЩЕВИКОВ: ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ *HERACLEUM SOSNOWSKYI* И РОДСТВЕННЫХ ВИДОВ ДЛЯ УТОЧНЕНИЯ МЕЖВИДОВЫХ ВЗАИМОСВЯЗЕЙ И ТЕРРИТОРИАЛЬНОГО РАСПРОСТРАНЕНИЯ

Логачева М.Д.^{1,2*}, Птицына Е.В.^{2,3,4}, Гладиллин А.А.⁵, Ежова М.А.^{1,2}, Дудов С.В.³, Лысков Д.В.³, Пенин А.А.², Чернягина О.А.⁶, Гельтман Д.В.⁷

¹Сколковский институт науки и технологии, Москва, Россия.

²Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия.

³Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия.

⁴Московский государственный технический университет имени Н.Э.Баумана

⁵Некоммерческое общественное объединение «СтопБорщевик», Москва, Россия.

⁶Камчатский филиал Тихоокеанского института географии ДВО РАН, г. Петропавловск-Камчатский, Россия

⁷Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

* maria.log@gmail.com

Стремительное распространение инвазивных видов создает масштабные экологические и социальные проблемы. Одним из самых опасных инвазивных видов растений на территории России является борщевик Сосновского; он наносит большой вред природным и агроэкосистемам и опасен для здоровья человека. В странах Западной Европы схожим образом проявляют себя другие виды, относимые к неформальной группе «гигантских борщевиков» - борщевик Мантегацци и борщевик персидский. Мы предприняли масштабный анализ генетического разнообразия борщевика Сосновского, борщевика Мантегацци и других представителей этого рода для уточнения межвидовых границ и закономерностей интродукции/инвазии. Набор данных, общим числом 204 образцов, включал образцы из первичного и вторичного ареалов, а также типовой образец для борщевика Сосновского и образцы из *locus classicus* для борщевика Мантегацци. С использованием методов полногеномного секвенирования мы изучили полиморфизм пластидного генома и ядерных генов рРНК. Это позволило сделать следующие выводы: 1) в отличие от многих других инвазивных видов, у борщевика Сосновского не заметно снижения генетического разнообразия во вторичном ареале, что связано, вероятно, с многократным вносом семенного материала из различных популяций первичного ареала 2) ни один из изученных генетических маркеров не свидетельствует в пользу выделения борщевика Сосновского и борщевика Мантегацци как отдельных видов; более того, к этой же группе принадлежит считающийся эндемиком Крыма борщевик пушистый 3) некоторые образцы представляют собой гибриды между борщевиком Сосновского и аборигенным видом – борщевиком сибирским. С другим аборигенным видом, борщевиком шерстистым, гибридов не обнаружено, несмотря на многочисленные находки их совместного произрастания. Результаты подчеркивают необходимость пересмотра видовых критериев гигантских борщевиков. Данные о гибридизации с аборигенными видами имеют ключевое значение для прогнозирования дальнейшей экспансии и разработки методов биологического контроля.

ГЕРБАРИИ ГРИБОВ – МОЛЧАЛИВОЕ ХРАНИЛИЩЕ ДАННЫХ, СОКРОВИЩНИЦА ТАЙНЫХ ЗНАНИЙ ИЛИ НЕОБХОДИМАЯ ТОЧКА ОТСЧЁТА В СОВРЕМЕННЫХ ИССЛЕДОВАНИЯХ В МИКОЛОГИИ?

Волобуев С.В.

Ботанический институт им В.Л. Комарова Российской академии наук, лаборатория систематики и географии грибов, 197022, Россия, Санкт-Петербург, ул. Профессора Попова, д. 2.

sergvolobuev@binran.ru

Гербарные коллекции представляют собой уникальный национальный ресурс, аккумулирующий информацию не только о таксономическом разнообразии, зафиксированном на определенной территории в тот или иной момент прошлого, но и об условиях взаимодействия организмов с окружающей средой. Современные достижения в области геномики, информатики и методов визуализации открыли беспрецедентные возможности для анализа гербарных образцов, включая этикеточные данные. Благодаря тому, что гербарный образец является документальным подтверждением биотопической и пространственной регистрации вида, гербарная коллекция в целом становится важным инструментом для отслеживания изменений биологического разнообразия в связи с антропогенным влиянием, климатической повесткой и иными причинами.

Примером синергетического эффекта в получении новых знаний о генетическом разнообразии, динамике популяций, инвазионных процессах являются исследования гербариев фитопатогенных грибов и грибообразных организмов. На основе метагеномного подхода становится возможным обнаружение симбиотических и патогенных видов грибов, ассоциированных с представителями других царств живой природы.

Вместе с тем, внедрение ДНК-метабаркодинга при изучении грибных сообществ как природных, так и антропогенных местообитаний привело к формированию пула данных, лишенных достаточной таксономической аннотации, что негативно сказывается на интерпретации результатов и полноте формулируемых выводов. Применение молекулярно-генетических методов в работе с гербарными коллекциями, в том числе методов высокопроизводительного секвенирования, позволяет восполнить данный пробел за счёт формирования базы референсных нуклеотидных последовательностей различных групп грибов. Особое значение при этом имеет секвенирование типовых образцов, хранящихся в гербариях грибов, что является необходимым стандартом для решения таксономических и номенклатурных проблем, а также при описании новых, генетически дифференцированных, но морфологически трудноразличимых криптических видов.

Дальнейшее раскрытие научного потенциала гербарных коллекций требует скоординированных усилий по их сохранению, оцифровке, интеграции и обеспеченности необходимыми ресурсами (финансовыми, кадровыми, пространственными и др.).

КОЛЛЕКЦИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ХМЕЛЯ В СИСТЕМЕ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ И ПИТОМНИКОВОДСТВА

Мироненко О.Н.

Алтайский государственный университет, Алтайский центр прикладной биотехнологии,
656049, Россия, Барнаул, пр-т Ленина, 61

mironenko@mc.asu.ru

Хмель обыкновенный (*Humulus lupulus* L.) – многолетняя травянистая двудомная лиана. Хмелепродукты используются в пивоварении, косметике и фармацевтике. В последние годы растет интерес к культуре в виду подтверждения противовоспалительной, антиоксидантной, противомикробной и фитоэстрогенной активности, в том числе при лечении метаболического синдрома, нервного истощения, анемии, коронавируса и отдельных видов рака. Для импортозамещения России требуется не менее 20 млн. штук саженцев, что является сложной задачей, поскольку питомниководство и селекция хмеля практически не развиты. В государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию, внесено всего 16 отечественных сортов, селекция ведется только методом клонового отбора в Чувашском ГАУ и Чувашском НИИСХ. На базе последнего содержится единственная официально зарегистрированная полевая коллекция хмеля, насчитывающая 250 образцов. Как со стороны государства, так и со стороны бизнеса обозначена проблема возрождения отечественного хмелеводства и селекции, что требует наращивания имеющихся компетенций и развития коллекций генетических ресурсов хмеля. Этому препятствуют как организационно-экономические факторы, так и особенности биологии вида. Женские экземпляры хмеля возделываются на плантациях до 15 лет на одном месте с использованием шестиметровых шпалер, требующих значительных инвестиций и высокого уровня агротехники.

В Алтайском государственном университете начато создание коллекции *in vitro*, насчитывающей 89 генотипов хмеля: 12 российских сортов, 22 иностранных, 55 образца из природных популяций. Маточные растения высажены в Южно-Сибирском ботаническом саду. Коллекция может быть круглогодично использована для исследований, тиражирования посадочного материала и в селекции. Разработана технология производства посадочного материала, которая позволяет получать из одного экспланта за год не менее 5000 саженцев. Совместно с научными и индустриальными партнерами инициирована работа по закладке питомников.

Источник финансирования: исследование выполнено за счет гранта РНФ № 23-64-10040, <https://rscf.ru/project/23-64-10040/>.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ДЛЯ РАСШИРЕНИЯ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ

Рогозина Е.В.^{*}, Алпатьева Н.В., Гурина А.А., Иванова Е.А., Чалая Н.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190031, Россия, Санкт-Петербург, Б. Морская 42-44

^{*}erogozina@vir.nw.ru

Исходный материал для селекции высокопродуктивных сортов картофеля, устойчивых к изменениям природной среды, создают методом межвидовой гибридизации с участием диких и культурных клубнеобразующих видов рода *Solanum* L. Интрогрессия генетического материала диких родичей в геном культурного картофеля приводит к возникновению множественных новых, уникальных форм, использование которых расширяет генофонд современной селекции. Познавание генетических особенностей диких родичей, созданных на их основе межвидовых гибридов и сортов картофеля актуально для разработки высокотехнологичной платформы современной отечественной селекции, применения эффективных методов отбора ценных генотипов с комплексом необходимых свойств. В коллекции ВИР у представителей диких и культурных видов, сортов и межвидовых гибридов картофеля найдены гомологи *Rpi* генов (устойчивости к фитофторозу), *Ry chc* (устойчивости к Y-вирусу картофеля), *Rx* (устойчивости к X- вирусу картофеля), *Gro1-4*, *Gpa2* (устойчивости к цистообразующим нематодам). У образцов дикого вида картофеля *S. chacoense* найдены пять аллельных вариантов гена *Ry chc*; у отечественных сортов и межвидовых гибридов картофеля – аллели *Ry chc-1* и *Ry chc-2* (GenBank PX309300-PX309303). У межвидовых гибридов и сортов картофеля выявлен полиморфизм кодирующих последовательностей (SNP, InDel) генов *Rpi-R1*, *Rpi-R3b*, *Rpi-blb1*, *Rpi-blb1*, *Rpi-R8*. Начата работа по разработке ДНК-маркеров генов устойчивости к Y-вирусу картофеля и фитофторозу для массового и эффективного применения в маркер-вспомогательной селекции отечественных сортов картофеля.

Благодарность: Исследование поддержано грантами РФФИ (проект №20-516-10001Ко_а), РНФ (проекты № 22-26-00111, № 25-46-02027).

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КУЛЬТИВИРУЕМОГО КАРТОФЕЛЯ НА ОСНОВЕ ИЗУЧЕНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА ХЛОРОПЛАСТНОЙ ДНК ОБРАЗЦОВ ГЕРБАРИЯ ВИР И ПОЛЕВЫХ ГЕНБАНКОВ

Гавриленко Т.А.*, Оськина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Рыбаков Д.А., Клименко Н.С.,
Костина Л.И., Новикова Л.Ю.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000, Россия, Санкт-Петербург, Б. Морская, 42-44

tatjana9972@yandex.ru

Привлечение ДНК-технологий в изучение образцов гербарных коллекций открывает новые возможности в исследованиях вопросов истории формирования и развития культурной флоры. В докладе будут рассмотрены литературные данные и оригинальные результаты изучения процессов интродукции культивируемых растений, выполненные с привлечением исторических гербарных коллекций.

В докладе будут представлены результаты исследований гербарных образцов культивируемого картофеля и дикорастущих родичей – представителей секции *Petota* Dumort., рода *Solanum* L., собранных в 1920-1930-х годах С.В. Юзепчуком и С.М. Букасовым – участниками Латиноамериканской экспедиции, организованной Н.И. Вавиловым. В нашей работе изучено ~250 аутентичных гербарных образцов, собранных в разных странах Южной Америки, хранящихся, главным образом, в коллекции Гербария ВИР (WIR), из них более 130 – номенклатурные типы таксонов видового и внутривидового рангов. С использованием препаратов ДНК гербарных растений проведено изучение полиморфизма 18 локусов пластидной ДНК, включая 14 микросателлитных локусов. Ранее с помощью того же набора маркеров было исследовано генетическое разнообразие и генетическая дифференциация ~300 образцов андийских и чилийских аборигенных сортов и их дикорастущих родичей, сохраняемых в полевом и *in vitro* генбанках ВИР (Gavrilenko et al. 2013, 2023).

Сопоставление спектра и частот гаплотипов хлДНК у андийских и чилийских аборигенных сортов картофеля, собранных в 1920-1930-х годах, и у образцов полевых генбанков, собранных в тех же регионах Южной Америки во второй половине 20 века, позволило получить новые данные о генетической эрозии туземных сортов и обозначить возможные причины наблюдаемых изменений.

Полученные результаты важны и для современных селекционно-генетических программ, поскольку генофонд селекционных сортов картофеля характеризуется низким уровнем разнообразия и фактически полным отсутствием андийских хлоротипов.

РАЗВИТИЕ НОВЫХ ПОДХОДОВ К СОХРАНЕНИЮ ИДЕНТИФИЦИРОВАННОГО ГЕНОФОНДА СОРТОВ ВЕГЕТАТИВНО РАЗМНОЖАЕМЫХ КУЛЬТУР – НА ПРИМЕРЕ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ И МАЛИНЫ

Гавриленко Т.А.*, Дунаева С.Е., Антонова О.Ю., Рыбаков Д.А., Камнев А.М., Оськина Н.А.,
Чухина И.Г.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000, Россия, Санкт-Петербург, Б. Морская, 42-44

tatjana9972@yandex.ru

Актуальность проблемы сохранения генофонда вегетативно размножаемых культур (картофель, плодовые, ягодные, декоративные, др.) постоянно возрастает, что связано с угрозой сокращения их генетического разнообразия. В ВИРе генофонд вегетативно размножаемых культур традиционно сохраняется в виде полевых коллекций. Сравнительно недавно стали создаваться дублетные коллекции, сохраняемые в контролируемых условиях *in vitro* и криохранения. Число образцов, в таких коллекциях, не сопоставимо мало в сравнении с численностью образцов полевых генбанков, что связано с высокой стоимостью и сложностью технологического процесса сохранения больших *in vitro* и крио-коллекций. Поэтому в дублетных коллекциях сохраняются наиболее ценные генотипы национальных коллекций, для формирования которых необходимо развитие эффективных систем сортовой идентификации и регистрации, для чего наряду с традиционными подходами (сортоиспытания на Отличимость, Однородность, Стабильность) активно используются и молекулярно-генетические методы.

Для развития этих подходов в ВИРе была предложена «Комплексная стратегия регистрации сортового генофонда в генбанках» (Гавриленко, Чухина, 2020), включающая: оформление номенклатурных стандартов сортов, разработку их генетических паспортов и сохранение в контролируемых условиях образцов генетически идентичных номенклатурным стандартам. Развитие этих работ можно рассмотреть на примере двух экономически наиболее значимых для страны вегетативно размножаемых культур – картофеля и малины.

В ВИРе совместно с авторами сортов из различных регионов России оформлены и переданы на хранение в Гербарий ВИР номенклатурные стандарты 96 сортов картофеля и 30 сортов малины; проведено их SSR-генотипирование (Гавриленко и др., 2026; Камнев и др. готовится к печати). В *in vitro* коллекции ВИР сохраняются генотипированные сорта картофеля (~80) и малины (12); около половины из них заложены на длительное хранение в криобанк ВИР.

ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГРИБОВ АРБУСКУЛЯРНОЙ МИКОРИЗЫ ПО СИМБИОТИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ С ПРИМЕНЕНИЕМ ОМИКСНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ

Юрков А.П.^{1*}, Крюков А.А.¹, Вавулина (Кудряшова) Т.Р.¹, Косильников Ю.В.¹, Косильникова А.И.¹, Беляева А.И.¹, Шишова М.Ф.²

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608, Россия, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, шоссе Подбельского, д. 3

²Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра физиологии и биохимии растений, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

*ap.yurkov@arriam.ru

Грибы арбускулярной микоризы (АМ), формирующие монофилетическую группу – отдел *Glomeromycota*, включают единственный класс *Glomeromycetes*, насчитывающий всего около 355 видов. Тем не менее, высокий генетический полиморфизм обеспечил широкий ареал распространения видов грибов АМ в природных экосистемах, отсутствие специфичности во взаимодействии с растениями-хозяевами при сохранении симбиотически облигатного образа жизни. АМ формируется с абсолютным большинством видов наземных растений (>92% семейств). АМ-грибы стимулируют рост растений, усиливают минеральное (в первую очередь фосфорное) питание. Создание коллекции грибов АМ, охарактеризованных по симбиотическому потенциалу, а также биопрепаратов на их основе имеет широкие перспективы для повышения урожайности сельскохозяйственных культур. Целью настоящей работы является изучение влияния микоризации эффективным и неэффективным штаммом гриба АМ на развитие сильно отзывчивой линии MIS-1 *Medicago lupulina* L. С использованием омиксных технологий – транскриптомики и метаболомики в модельной растительно-микробной системе проведен комплекс исследований, направленных на выявление механизмов формирования эффективного симбиоза. В ходе работы: 1) выделены контрастные по эффективности штаммы АМ-грибов; 2) на отзывчивой линии MIS-1 люцерны хмелевидной охарактеризованы особенности развития эффективной и неэффективной АМ; 3) впервые выявлены различия транскриптомных и метаболомных профилей растений, в которых эффективная АМ против неэффективной ассоциировалась с позитивной регуляцией биосинтеза РНК, транспорта веществ, белкового гомеостаза и липидного обмена. Исследование влияния эффективного штамма гриба АМ *Rhizophagus irregularis* RCAM00320 на динамику естественного высокого уровня разнообразия видов грибов АМ в вегетационных условиях показало, что инвазивный штамм не подавляет, а, наоборот, ускоряет восстановление таксономического разнообразия аборигенных АМ-грибов в ризосфере *M. lupulina*. Эти данные свидетельствуют о перспективности использования штамма RCAM00320 в полевых условиях без риска для естественной микробиоты. Исследование выполнено при поддержке гранта РНФ 22-16-00064-П.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ГУАРА: ИЗ НИШЕВОЙ КУЛЬТУРЫ В ЛИДЕРЫ РЫНКА

Вишнякова М.А.^{*}, Дзюбенко Е.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), лаборатория адаптации гуара, 190000, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42.

^{*}m.vishnyakova.vir@gmail.com

Гуар (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub, Fabaceae), называемый в регионе доместикации и основного производства (Индия и Пакистан) «промышленной культурой с маргинальных ферм», в XXI веке стал объектом пристального внимания промышленников и ученых. Камедь из семян этого растения (полисахарид галактоманнан) – ингредиент стратегического значения, используется во многих отраслях промышленности, включая газо- и нефтедобычу. Будучи некогда кормовым и овощным растением, выращиваемым в ограниченных масштабах в Индостане, гуар в 1903 г. был интродуцирован в США, позднее в ряд стран ЮВА. В середине прошлого века его интродуцировали в СССР, в частности, в Туркмению для оценки перспектив возделывания как богатого белком однолетнего кормового растения для аридной зоны. Но до открытия в семенах гуара камеди в Университете штата Аризоны США (Anderson, 1949) культура не стала масштабно востребованной ни в одной этих стран.

В наши дни мировой рынок гуаровой камеди оценивается в **1,53 миллиарда \$** при **среднегодовом темпе роста 7,8%**. Растущая популярность ингредиентов растительного происхождения, биоразлагаемых и не загрязняющих окружающую среду, способствует распространению гуаровой камеди на мировых рынках.

Интродукция гуара в ряд южных регионов России в начале XXI века стала импульсом к изучению коллекции генетических ресурсов гуара ВИР. Признаки, значимые для селекции и промышленности, оценивали в разных эколого-географических локациях. Оптимальные условия найдены на Волгоградской опытной станции ВИР при выращивании с капельным поливом. Выявляют наиболее адаптивные и продуктивные генотипы, у которых в дальнейшем определяют содержание белка и камеди в семенах, анализируют связи признаков. Создание оценочных баз данных генресурсов гуара – важный ориентир для развивающейся в России селекции культуры и в перспективе для ее маркер-опосредованной и геномной селекции.

ОСОБЕННОСТИ СОЗДАНИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОРЕСУРСНЫХ КОЛЛЕКЦИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ВРОЖДЕННЫХ КОЛЛЕКЦИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ ВРОЖДЕННЫХ ЗАБОЛЕВАЙ СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТОЙ СИСТЕМЫ У ДЕТЕЙ

Мельник О.В.,^{1*} Фетисова С.Г.^{1*}

¹ФГБУ "Национальный медицинский исследовательский центр им. В. А. Алмазова"
Минздрава России. Санкт-Петербург, Россия

*elemax2009@mail.ru

Цель. Продемонстрировать пути создания и перспективы применения биомедицинских ресурсных коллекций биоматериала пациентов детского возраста с врожденными заболеваниями сердечно-сосудистой системы.

Материал и методы. В работу был включен биоматериал пациентов детского возраста, а также их родственников первой линии родства, забанкированный в период с 2016 по 2025 гг в рамках реализации научных проектов НМИЦ им. В. А. Алмазова Минздрава России в области клинической генетики и педиатрии. Выделенная из образцов цельной крови и сухих пятен крови дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК) использовалась для генетического тестирования с применением современных методов молекулярно-генетической диагностики.

Результаты. Возможности применения биоресурсных коллекций биоматериала пациентов детского возраста продемонстрированы на примере семейных случаев редких моногенных заболеваний, для которых ранее собранный биоматериал биобанка был использован для постановки диагноза и определения тактики дальнейшего наблюдения членов семьи, определения рисков для будущего потомства, углубления знаний по ведению пациентов с конкретным наследственным синдромом. В дополнение — возможность предполагать наличие новых фенотипов, ассоциированных с известным геном, и наоборот, раскрывать связь новых генов с известным фенотипом продемонстрирована на примерах семейных заболеваний, где биоматериал биобанка обеспечил возможность проведения сегрегационного анализа. На примере биоматериала когорт пациентов с определенной патологией проиллюстрирована возможность создания новых диагностических алгоритмов и лабораторных тест-систем, дифференцированного подхода к выбору таргетной генетической панели для диагностики, а также выявления новых клинико-генетических особенностей заболевания.

Заключение. Создание биоресурсных коллекций, полученных от детского контингента, является сложной, но клинически необходимой, перспективной научной задачей. Ее реализация способствует проведению трансляционных научно-исследовательских работ, поиску новых генетических причин развития наследственной патологии и описания новых фенотипов.

ВОЗМОЖНОСТИ КОМПЛЕКСНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОМАТЕРИАЛА ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ИСТОЧНИКОВ ПРИ ИЗУЧЕНИИ НЕЙРОЭНДОКРИННЫХ ОПУХОЛЕЙ

Цой У.А.

ФГБУ Национальный медицинский исследовательский центр им. В. А. Алмазова. Институт
эндокринологии. 197341. г. Санкт-Петербург, ул. Аккуратова дом 2, литер А

utsoi@mail.ru

Многие нейроэндокринные опухоли (НЭО) являются генетически детерминированными. В связи с этим, определяющее значение в выборе диагностической и лечебной тактики у пациентов с НЭО имеют молекулярно-генетические методы диагностики. Современные научные исследования НЭО невозможны без наличия образцов опухолевой ткани. Сложность создания таких коллекций обусловлена редкостью заболеваний, необходимостью банкирования непосредственно сразу после операции и возможности длительного хранения образцов в особых условиях. Кроме этого, полноценный анализ выполненных исследований возможен только при наличии клинических и морфологических данных. Таким образом, успех молекулярно-генетического исследования НЭО определяется сотрудничеством мультидисциплинарной команды, объединённой решением не только клинических, но и научных задач. Такой подход в течение 15 лет реализован сотрудниками ФГБУ НМИЦ им. В.А. Алмазова. В период с 2011 по 2021 год был осуществлён интраоперационный забор опухолевой ткани с последующим банкированием свежезамороженных образцов кортикотропином. Было проведено генетическое исследование этих опухолей. В результате изучения распространённости соматической мутации гена *USP8* в кортикотропиномах и её влияния на клиническое течение болезни Иценко-Кушинга (БИК) в когорте из 35 образцов опухолей было показано, что соматические мутации гена *USP8* встречаются в 54% (18 из 35). При сопоставлении клинических данных пациентов с БИК с различным статусом гена *USP8* в кортикотропиномах варианты этого гена чаще встречались у женщин. Размеры опухолей с мутациями не превышали 2 см, при этом, в основном, они были представлены микроаденомами. Между тем, эти опухоли чаще рецидивировали после успешного хирургического удаления. Также оказалось, что опухоли с мутацией *USP8* чаще экспрессируют соматостатиновые рецепторы как 5, так и 2 типов. Таким образом, были получены данные, позволяющие персонализировать подходы к лечению пациентов с БИК с различным статусом *USP8*.

**СЕТЕВАЯ БИОРЕСУРСНАЯ КОЛЛЕКЦИЯ В ОБЛАСТИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ
ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА КАК ИСТОЧНИК
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ МИКРООРГАНИЗМОВ ДЛЯ РАЗВИТИЯ
БИОЭКОНОМИКИ В РОССИИ (ТРАДИЦИИ И ИННОВАЦИИ)**

Цыганов В.Е.,* Сафронова В.И.

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
196608, Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского 3

*vetsyganov@arriam.ru

Почва является естественным генбанком, содержащим хозяйственно-ценные штаммы микроорганизмов, доступные растениям и другим обитателям почвы в наиболее критические моменты их развития. Учитывая, что в настоящее время идентифицирован ничтожный процент видов микроорганизмов, становится очевидным, что они являются практически неисчерпаемым генетическим ресурсом. Для использования микроорганизмов в интересах сельскохозяйственного производства в Санкт-Петербурге в 1891 г. была создана Временная бактериологическая лаборатория при Департаменте земледелия Министерства земледелия и государственных имуществ. За прошедшие 135 лет лаборатория трансформировалась во Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, на базе которого функционирует Сетевая биоресурсная коллекция в области генетических технологий для сельского хозяйства, в роботизированном криобанке которой сохраняются более 10 000 штаммов, обладающих разнообразными полезными свойствами для использования в агропромышленном комплексе. Коллекция объединяет практически-ценные штаммы 14 институтов Отделения сельскохозяйственных наук РАН, депонирует 300 — 400 штаммов в год. Фонд коллекции активно пополняется новыми штаммами в результате обширной экспедиционной деятельности, в том числе в арктические регионы России. В коллекции проводится генетическая идентификация микроорганизмов (около 150 штаммов в год) и описываются новые виды почвенных бактерий. Коллекция широко привлекает геномные технологии для анализа хозяйственно-ценных микробных генов и генотипирования коммерческих штаммов. Важной стороной деятельности Коллекции является предоставление сторонним организациям культур для производства биопрепаратов (более 100 в год).

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2025-472 от «29» мая 2025 г. о предоставлении гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию проекта: «Расширение фонда и развитие геномных исследований в коллекции микроорганизмов Сетевая биоресурсная коллекция в области генетических технологий для сельского хозяйства (ВКСМ)».

ПАНГЕНОМНЫЙ ИНСТРУМЕНТАРИЙ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТОВ ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ СВОЙСТВ МИКРООРГАНИЗМОВ

Антонец К.С.^{1,2}, Шиков А.Е.¹, Романенко М.Н.^{1,2}, Нижников А.А.^{1,2}

¹Лаборатория протеомики надорганизменных систем, ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Россия, Санкт-Петербург

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

Представители различных групп бактерий находят применение в самых разных отраслях экономики, начиная от сельского хозяйства, защиты растений и заканчивая биотехнологией. Определение сферы возможного применения бактерий – долгий и трудоемкий процесс, предполагающий экспериментальную проверку свойств новых изолятов. В то же время информация о синтезе всех белков и соединений закодирована в геноме бактерий. Для аннотации и анализа этой информации нами был разработан программный конвейер, который автоматизирует процесс сборки и аннотации бактериального генома. Он позволяет проводить сборку генома из сырых прочтений, как коротких, так и длинных, а также аннотацию последовательностей с выявлением инсектицидных локусов, детерминант вирулентности и метаболических кластеров генов. Этот конвейер был апробирован 37 геномах почвенных бактерий, собранных из разных регионов России. Анализ геномов позволил выявить бактерии, для которых были предсказаны инсектицидные, фунгицидные и бактерицидные свойства. Помимо этого, он был успешно применен при описании двух новых видов представителей группы *Bacillus*. Большое количество бактериальных геномов открывает дорогу к использованию пангеномных методов анализа. Эти подходы были применены к исследованию пангенома бактерий вида *Serratia marcescens*, что позволило выявить ряд белков, вовлеченных в процесс определения вида-хозяина, и к исследованию эволюции токсинов Ctu у вида *Bacillus thuringiensis*, что позволило выявить ключевой фермент, вовлеченный в рекомбинацию. Таким образом, пангеномные подходы к изучению бактериальных геномов позволяют выявлять молекулярные детерминанты процессов, которые было бы сложно выявить другим методом.

Работа была выполнена при поддержке Российского научного фонда (грант № 24-16-00284).

ГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ СОХРАНЕНИЯ ПОПУЛЯЦИИ КАШТАНА ПОСЕВНОГО *CASTANEA SATIVA* MILL.

Жебентяева Т.Н.^{1,*}, Крутовский К.В.^{2,3,4,5}, Шипилина Л.Ю.^{6,7}, Хлесткина Е.К.^{6,7}

¹ Университет штата Кентукки, Лексингтон 40546, Кентукки, США

² Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва 119991, Россия

³ Гёттингенский университет им. Георга Августа, Гёттинген 37077, Германия

⁴ Сибирский федеральный университет, Красноярск 660041, Россия

⁵ Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж 394087, Россия

⁶ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, 190000, Россия

⁷ Научно-технологический университет «Сириус», Олимпийский проспект, д.1, федеральная территория «Сириус», Краснодарский край, 354340, Россия

*tnz222@uky.edu, tzhebentyayeva@gmail.com

Каштан посевной — ценная лесообразующая порода Причерноморья, перспективная для введения в агрокультуру с целью озеленения, получения древесины и культивирования ценных макромицетов. Крифонектриевый некроз (возбудитель — аскомицет *Cryphonectria parasitica*) является одной из основных причин деградации и гибели каштановых насаждений в Сочинском национальном парке и Кавказском биосферном заповеднике. Штаммы *C. parasitica*, инфицированные миковирусом *Cryphonectria hypovirus 1* (CHV1), характеризуются пониженной вирулентностью и применяются для биологического контроля заболевания. Эффект биоконтроля реализуется за счёт горизонтальной передачи вируса в природных популяциях гриба и последующего вытеснения агрессивных штаммов их гиповирулентными формами, что способствует сохранению жизнеспособности деревьев в естественных местах обитания.

Изучение генетического разнообразия возбудителя крифонектриевого некроза (*C. parasitica*), миковируса CHV1, снижающего фитопатогенность гриба, а также механизмов восприимчивости и устойчивости растения-хозяина — каштана посевного — в условиях природного биоразнообразия является фундаментальной основой для разработки эффективных методов биоконтроля заболевания.

Перспективным направлением является исследование биоразнообразия трёхкомпонентной патосистемы «гриб–вирус–растение» с целью создания биопрепарата (гиповирулентного штамма гриба-возбудителя), адаптированного к природным условиям и требованиям нормативного регулирования применения мер биозащиты в Сочинском национальном парке и Кавказском биосферном заповеднике. Данное исследование должно сочетать геномные технологии (полногеномное секвенирование с использованием референсных геномов для генотипирования, изучение биоразнообразия и структуры популяций, выявление участков генома/генов ассоциированных с фенотипическими признаками и устойчивостью к патогенам), успешно использованные при восстановлении американского каштана (*Castanea dentata*) в пределах его естественного ареала, с методами биоконтроля, применяемыми для защиты каштана посевного *C. sativa* в европейских странах.

РОЛЬ КРИОКОНСЕРВАЦИИ ГАМЕТ И ЭМБРИОНОВ В РЕАЛИЗАЦИИ РЕПРОДУКТИВНОГО ПОТЕНЦИАЛА ЧЕЛОВЕКА

Комарова Е.М. *, Лесик Е.А., Ищук М.А.

ФГБНУ «Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии
им. Д. О. Отта», 199034, Россия, Санкт-Петербург, Менделеевская линия, д.3.

*evgmkomarova@gmail.com

Криоконсервация гамет и эмбрионов на современном этапе развития вспомогательных репродуктивных технологий (ВРТ) является ключевым инструментом сохранения и реализации репродуктивного потенциала по медицинским и социальным показаниям. Данная методика эволюционировала от медленного программного замораживания к высокоэффективной витрификации, которая, за счет использования комбинаций проникающих и непроникающих криопротекторов обеспечивает максимальную выживаемость биоматериала. Современные методики замораживания гамет и эмбрионов позволяют сохранять репродуктивный потенциал пациентов на неопределенный срок. Вместе с тем, установлена необходимость дальнейших исследований, направленных на оптимизацию протоколов криоконсервации в рамках вспомогательных репродуктивных технологий.

ИССЛЕДОВАНИЯ В ОБЛАСТИ НАРУШЕНИЙ ЛИПИДНОГО ОБМЕНА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИНФРАСТРУКТУРЫ БИОБАНКОВ И АКТИВНОЕ ДОЛГОЛЕТИЕ

Мешков А.Н.^{1, 2, 3*}

¹ФГБУ «НМИЦ ТПМ» Минздрава России, Институт персонализированной терапии и профилактики, 101990, Россия, Москва, Петроверигский пер., дом 10, стр.3.

²ФГБНУ «МГНЦ», ИВиДПО, кафедра биохимической генетики и наследственных болезней обмена веществ, 115478, Россия, Москва, ул. Москворечье д.1.

³НАСБИО, 101990, Москва, Мытная ул., 28/3, корп. 1, оф. 4/

*director@nasbio.ru

Гиперлипидемии являются фактором риска атеросклеротических сердечно-сосудистых заболеваний, сахарного диабета 2 типа, хронической болезни почек и нейродегенеративных заболеваний, а их коррекция позволяет продлить активное долголетие. Определение типа гиперлипидемии и ее генетических причин имеет важное значение для оценки прогноза и выбора тактики лечения. Проведения исследований в области продления активного долголетия невозможно без привлечения больших когорт участников.

Биобанк ФГБУ «НМИЦ ТПМ» Минздрава России (Биобанк) является популяционно-нозологическим и включает 890 848 образцов крови и ее производных, полученных от 115 403 участников различных научных исследований. Основу биобанка (580 343 образца от 79 890 человек) составляет популяционная выборка населения 42 регионов России (в возрасте 24-64 лет) эпидемиологического исследования «Эпидемиология сердечно-сосудистых заболеваний и их факторов риска в регионах Российской Федерации»; популяционная выборка Биобанка Северной Евразии, которая включает 13875 человек из популяций коренного населения 27 регионов РФ; и нозологические выборки пациентов с хроническими неинфекционными заболеваниями, собранные в рамках 57 научных проектов.

Общее количество биообразцов, выданных внутренним и внешним пользователям, с момента основания Биобанка составило 309 317 ед. из 1 172 636 ед. (26,3% от всех проб биообразцов, поступивших в Биобанк). С момента основания Биобанка опубликовано более 200 научных статей, включающих результаты исследований, проведенных на биообразцах из научных проектов, входящих в Биоколлекцию. Информация о Биобанке представлена на сайте <https://biobank.gnicpm.ru/> и на портале НТИРФ <https://ckp-rf.ru/catalog/usu/4145529/>.

В заключении, можно отметить, что использование инфраструктуры российских биобанков, позволяет быстро и эффективно формировать когорты по заданным характеристикам и проводить исследования.

ДЕНДРОГЕНОМИКА И ПРОГНОСТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ АДАПТАЦИИ В КОНТЕКСТЕ ИЗМЕНЕНИЯ КЛИМАТА - НОВЫЕ ПОДХОДЫ ДЛЯ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ

Крутовский К.В. ^{1,2,3,4,*}

¹Гёттингенский университет им. Георга Августа, Гёттинген 37077, Германия

²Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова Российской Академии Наук, Москва 119991, Россия

³Сибирский федеральный университет, Красноярск 660041, Россия

⁴Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г. Ф. Морозова, Воронеж 394087, Россия

* konstantin.krutovsky@forst.uni-goettingen.de, kkrutovsky@gmail.com

Дендрогеномика - новая междисциплинарная область исследований, интегрирующая дендрохронологию, дендрэкологию, дендроклиматологию, генетику и геномику. Этот современный подход позволяет проводить совместный анализ дендрологических и геномных данных и открывает новые пути для изучения временной динамики границ леса, определения пространственной и временной структуры популяций и, прежде всего, изучения индивидуальной реакции деревьев на абиотические и биотические стрессы и оценки адаптивного генетического потенциала лесных популяций. Эти данные крайне необходимы, особенно для точного прогнозирования последствий изменения климата и смягчения их негативных последствий. Нами получены важные данные для популяций лиственницы, кедра, сосны и дуба о связи изменчивости индивидуальных дендрофенотипов, отражающих индивидуальный ответ дерева на стресс, с изменчивостью по ряду генетических маркёров, включая функционально важные гены, выявленных современными методами секвенирования.

Нами изучена также устойчивость популяций лиственницы сибирской к будущим изменениям климата с использованием концепции «геномного сдвига» (genomic offset), которая объединяет полногеномные данные с экологическими переменными. В ходе анализа ассоциаций между генотипом и средой (GEA) с использованием методов BayeScEnv, LFMM2 и RDA были выявлены локусы-кандидаты, связанные с адаптацией к ключевым биоклиматическим переменным. На основе этих данных была выполнена оценка устойчивости 27 популяций лиственницы к будущим климатическим изменениям с применением трех подходов. Полученные результаты выявили устойчивые пространственные закономерности уязвимости и свидетельствуют о существенной гетерогенности климатической уязвимости в пределах ареала вида и создают геномную основу для разработки стратегий сохранения генетических ресурсов древесных, включая такие меры, как управляемый обмен генетическим материалом и климатически адаптированное лесоводство.

Исследование частично выполнено при финансовой поддержке гранта РНФ № 24-16-20047 «Структура популяций и внутривидовая изменчивость дендрофенотипов сосны обыкновенной и дуба черешчатого как основа адаптационной устойчивости к изменениям климата и иным внешним воздействиям».

РОЛЬ КОЛЛЕКЦИЙ МИКРООРГАНИЗМОВ В ПРОМЫШЛЕННОМ ПРОИЗВОДСТВЕ КИСЛОМОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ

Фоменко О.Ю.

Федеральное государственное автономное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт молочной промышленности», лаборатория прикладной микробиологии и геномики микроорганизмов, 115093, Россия, Москва, ул. Люсиновская, д. 35, к. 7.

fomenych2001@mail.ru

Ключевая задача микробиологического обеспечения промышленной выработки кисломолочных продуктов, в том числе – традиционных, состоит в каталогизации используемых заквасочных культур, что обусловлено необходимостью стандартизации, воспроизводимости и правовой защиты используемых микробных сообществ. Коллекция молочнокислых бактерий, пробиотических бактерий и дрожжей, используемых при разработке заквасок для кисломолочных продуктов, производстве ферментированной пищевой продукции, кормов и БАД, создавалась с момента образования ФГАНУ «ВНИМИ» в 1929 г. Пополнение фондов осуществлялось как за счёт выделения новых штаммов из природных источников, так и путём поступления их из других организаций. На сегодняшний день коллекция содержит 1380 штаммов молочнокислых бактерий, пробиотических бактерий и дрожжей, более 1500 ассоциаций заквасочных культур для производства ряда кисломолочных продуктов, а также около 10 разновидностей кефирных грибков, полученных из ряда географических точек Российской Федерации. Высокая степень микробного разнообразия традиционных заквасок, обусловленная региональной специфичностью и отсутствием стандартизации, требует применения молекулярно-генетических методов, способных обеспечить воспроизводимую идентификацию и характеристику штаммов. В настоящее время выполнено метагеномное WGS-секвенирование кефирных грибков, проведено их таксономическое профилирование. Показано существенное варьирование видового состава микробиоты кефирных грибков из различных регионов РФ. Ведутся работы по восстановлению штаммов, не используемых в настоящее время в промышленности, и их изучению с интеграцией геномных и метаболомных подходов, что позволяет не только обеспечивать контроль безопасности и технологической стабильности заквасочных культур, но и создаёт основу для правовой охраны коммерчески ценных микробиологических ресурсов.

Таким образом, поддерживаемая во ФГАНУ «ВНИМИ» коллекция заквасочных культур представляет собой ценный источник генетического разнообразия используемых в пищевой промышленности микроорганизмов, что подтверждается наделением ФГАНУ «ВНИМИ» функциями биоресурсного центра с декабря 2025 года.

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ В ФОРМАТЕ ФЛЭШ-ПРЕЗЕНТАЦИЙ

CAPS МАРКЕРЫ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНА *HvGA200x2*, АССОЦИИРОВАННОГО С ВЫСОТОЙ РАСТЕНИЙ ЯЧМЕНЯ

Поротников И.В.^{*}, Лукина К.А., Антонова О.Ю., Ковалева О.Н.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), 190000, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44.

^{*}i.v.porotnikov@gmail.com

Большую роль в селекции короткостебельных форм ячменя играет ген *HvGA200x2* (*sdw1/denso*). Недавно проведенный анализ пангенома показал, что существующие ДНК-маркеры аллеля короткостебельности *sdw1.c* (Поротников и др., 2026) не дают возможности его однозначно идентифицировать, поскольку они маркируют InDel, которая не является уникальной для данного аллеля. Другие аллели – *sdw1.ins* (влияние на высоту не установлено) и *sdw1.ZU9* (короткостебельность), были дифференцированы на два подтипа, отличающиеся мутациями промоторной и кодирующей области. Цель работы: разработать ДНК-маркеры для точной идентификации аллеля *sdw1.c* и дифференциации аллелей *sdw1.ins*, *sdw1.ZU9* на подтипы.

При анализе 53 генотипов культурного ячменя из пангенома установлено, что для аллеля *sdw1.c* были характерны делеция в 5'-UTR и два SNP в первом и третьем экзонах. Нами разработан CAPS-маркер аллеля *sdw1.c*, который генерируется праймерами, фланкирующими SNP в первом экзоне с последующей обработкой рестриктазой *BseI*. Помимо этого аллеля, после применения другой рестриктазы (*HinfI*), данные праймеры позволяют детектировать еще один ценный аллель короткостебельности – *sdw1.d*.

Для дифференциации аллелей *sdw1.ins* и *sdw1.ZU9* на подтипы отобраны праймеры из литературы (Xu et al., 2017), которые фланкировали характерные для них вставки в промоторной области гена *HvGA200x2*. Подобраны рестриктазы для выявления SNPs в этих вставках: *XbaI* дифференцировала аллель *sdw1.ins* на подтипы *sdw1.ins-1* и *sdw1.ins-2*, а рестриктаза *ZrmI* потенциально способна подразделить аллель *sdw1.ZU9* на подтипы *sdw1.ZU9-1* и *sdw1.ZU9-2*, однако в нашей выборке образцов с *sdw1.ZU9-2* не обнаружено.

Таким образом, нами разработаны CAPS-маркеры для идентификации аллелей *sdw1.c*, *sdw1.d*, *sdw1.ZU9* и *sdw1.ins*, с последующей дифференциацией последнего на подтипы. Полученные CAPS-маркеры успешно апробированы на контрольных образцах ячменя и могут быть использованы в селекции.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-26-00341).

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РЕСУРСНОГО ПОТЕНЦИАЛА ПЕТЕРГОФСКОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ ШТАММОВ *CHLAMYDOMONAS REINHARDTII* СПБГУ В ИЗУЧЕНИИ ФАКТОРОВ ТРАНСКРИПЦИИ СЕМЕЙСТВА GATA

Виролайн П.А.*, Нерезенко А.М., Чекунова Е.М., Нижников А.А.

Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

*p.virolaynen@spbu.ru

Петергофская генетическая коллекция штаммов зелёной водоросли *Chlamydomonas reinhardtii* является одной из уникальных биоресурсных коллекций СПбГУ и активно используется в научной и учебной работе на Кафедре генетики и биотехнологии. Коллекция служит платформой для развития технологий функциональной геномики и изучения регуляторных систем фотосинтезирующих эукариот для решения фундаментальных и прикладных задач.

В рамках работы был проведён поиск и анализ факторов транскрипции семейства GATA зелёных водорослей на модели *C. reinhardtii*. Эти белки содержат домен цинкового пальца, связывающий последовательность (A/T)GATA(A/G) в промоторных областях целевых генов. В геноме *C. reinhardtii* мы идентифицировали 12 генов GATA, для которых с помощью методов биоинформатики и молекулярной биологии были выявлены паттерны экспрессии в ответ на различные стимулы и предсказаны их функциональные роли в следующих процессах: 1) фотосинтез, циркадные ритмы, метаболизм фосфора; 2) метаболизм ксенобиотиков; 3) метаболизм азота, деление клетки. Структурный анализ 417 аминокислотных последовательностей доменов цинкового пальца из 46 видов водорослей позволил впервые выявить четыре классификационные группы факторов GATA, специфичные исключительно для водорослей, что открывает новые перспективы в изучении эволюции механизмов генетической регуляции фотосинтетиков.

Для экспериментальной проверки функций генов-мишеней была проведена отработка методов геномного редактирования – реализованы два подхода доставки компонентов системы CRISPR/Cas9 в клетки *C. reinhardtii*: трансформация рибонуклеопротеиновыми комплексами и плазмидами на основе растительного бинарного вектора pKSE401. На данном этапе проведена селекция первичных трансформантов, что создает методическую базу для дальнейшего получения и верификации линий с направленными модификациями в целевых локусах.

На базе коллекции успешно реализуется полный цикл функционально-генетических исследований: от биоинформатического поиска генов-мишеней до получения, анализа и поддержания мутантных линий *C. reinhardtii*.

Работа выполняется при поддержке СПбГУ, шифр проекта 124032000041-1

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КАРЛИКОВЫХ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА *Helianthus annuus* L. КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Рязанова М.К.,* Гаврилова В.А., Анисимова И.Н.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР)», 190031, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42-44.

m.ryazanova@vir.nw.ru

Подсолнечник однолетний (*Helianthus annuus* L.) – ведущая масличная культура, селекция которой направлена на создание высокопродуктивных гетерозисных гибридов. Использование карликовых родительских линий является эффективным способом снижения полегаемости посевов и адаптации растений к механизированной уборке. Несмотря на практическую ценность, генетические механизмы, контролирующие низкорослость у образцов коллекции ВИР, изучены недостаточно. Целью работы являлась молекулярно-генетическая паспортизация и анализ разнообразия 34 контрастных по высоте линий (27 карликовых и 7 высокорослых генотипов).

Растения выращивали в условиях климатической камеры. Для оценки роли гиббереллинов (ГА) в формировании низкорослости четыре линии обрабатывали 0,015% раствором ГА3. Генотипирование проводили с использованием 23 ДНК-маркеров (SSR, STS, SCAR, PAMPA, CAPS). Маркеры охватывали гены, контролирующие восстановление фертильности пыльцы (*Rf1*), тип цитоплазмы (*orfH522*), устойчивость к патогенам (*Pl5/Pl8*, *Pl6*, *Plarg*, *Radv*, *R1*, *HaOr7*), а также гены, ассоциированные с карликовостью (*HaKAO1*, *HaDELLA1*).

Обработка экзогенным гормоном не привела к увеличению высоты растений ни у одной из линий, что свидетельствует о дефекте сигнального пути гиббереллинов. CAPS-анализ подтвердил наличие миссенс-мутации в гене репрессора *HaDELLA1* у линий ВИР171 и ВИР434. Крупная делеция в гене *HaKAO1* (мутация *dw2*) не была выявлена. Метод главных координат визуализировал четкое разделение коллекции на пять генетически обособленных кластеров. Карликовые генотипы не сформировали единой группы, а распределились по всем кластерам, что указывает на полифилетическое происхождение низкорослости. Полученные данные о генетической структуре и аллельном составе позволяют целенаправленно подбирать генетически отдаленные родительские пары для создания технологичных гибридов, сочетающих устойчивость к полеганию с высоким гетерозисом.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM-2025-0008 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур».

РИЗОБИОФАГИ АГРОЦЕНОЗА: ГЕНОМНЫЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

Козлова А.П.,^{1*} Горбунова М.К.^{1,2}, Румянцева М.Л.¹

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Лаборатория генетики и селекции микроорганизмов, 196608, Россия, Санкт-Петербург,
Пушкин, ш. Подбельского, д. 3.

²Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Институт
биомедицинских систем и биотехнологий, 195251, Россия, Санкт-Петербург, ул.
Новороссийская, д. 48.

*a.kozlova@arriam.ru

Биопрепараты на основе клубеньковых бактерий (ризобий) способствуют повышению урожайности растений и обогащению почв азотом. На эффективность биопрепаратов оказывают влияние бактериофаги специфичные к ризобиям. Выделение ризобиофагов из почв агроценозов и анализ их характеристик необходимы для управления фаго-микробными взаимодействиями.

С этой целью нами были выделены из одного и того же образца почвы, отобранного в Центрально-черноземном районе России, два неизвестных ранее бактериофага, активных в отношении симбионта люцерны - *Sinorhizobium meliloti*. Один из фагов имел морфотип сифовируса, а другой - подовируса. Фаги также значительно различались по геномной организации и жизненному циклу. Геном сифовируса составил 121,6 т.п.н., имел крайне низкое содержание ГЦ-пар (27,1%) и кодировал открытые рамки считывания (ОРС), обеспечивающие лизогенный жизненный цикл. Анализ генома фага показал, что 74,2% ОРС кодировали гипотетические белки, при этом для 50 ОРС не было выявлено гомологов в известных базах данных. Геном подовируса был существенно меньше — 49,4 т.п.н. Более 63% ОРС кодировали гипотетические белки, а 20% — являлись уникальными. Предсказано, что данный фаг относится к литическим фагам. Оба фага проявляли высокую литическую активность, инфицируя более 50% из 62-х протестированных штаммов *S. meliloti*. Оценка биологических свойств фагов показала, что они действуют как селективные экологические фильтры: штаммы *S. meliloti* из агроценозов более устойчивы к ним, чем штаммы из природных фитоценозов, что указывает на локальную фаго-микробную коэволюцию. Предлагается использовать выделенные ризобиофаги как модельные для изучения динамики и состава популяций ризобий и для модулирования фагоустойчивости штаммов-инокулянтов, используемых в биопрепаратах.

Исследование сифовируса выполнено при поддержке РНФ 25-26-00758; исследование подовируса выполнено при поддержке Минобрнауки России (соглашение № 075-15-2025-472 от «29» мая 2025 г).

РАЗНООБРАЗИЕ ОВСА ИЗ СРЕДИЗЕМНОМОРСКОГО ЦЕНТРА ПРОИСХОЖДЕНИЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К МУЧНИСТОЙ РОСЕ

Османов Э.Н.,* Лоскутов И.Г., Абдуллаев Р.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190031, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44

* elosman.tvorchestvo@mail.ru

В 2022 г. посевы овса на Дагестанской опытной станции ВИР (г. Дербент) были значительно поражены, на уровне эпифитотии, возбудителем мучнистой росы (*Blumeria graminis* DC. f. sp. *avenae* Em. Marchal). Дагестанская популяция патогена была размножена и поддерживается в лаборатории. При искусственном заражении исследовали ювенильную устойчивость 125 образцов *Avena byzantina* С. Koch из Средиземноморского центра происхождения культуры. Устойчивость к *B. graminis* оценивали при 16-часовом фотопериоде и температуре 18°C. Изучаемый материал высевали рядами по 20 зерен в пластиковые кюветы на смоченную водой вату, накрывали стеклом и проращивали при комнатной температуре. Через трое суток кюветы переносили в климатическую камеру, а на седьмые сутки после посева образцы заражали путем стряхивания на них конидий с пораженных мучнистой росой растений. В качестве накопителя инфекции и контроля использовали восприимчивый сорт Боррус. Степень поражения отмечали на 12–14 сутки после заражения по шкале от 0 – высокая устойчивость до 4 – высокая восприимчивость. Выделившиеся образцы пересеивали, заражали и оценивали повторно. В результате скрининга выявлена достаточно широкая изменчивость *A. byzantina* из стран Средиземноморья, растения более 22,4% образцов характеризовались устойчивостью к патогену. Наиболее устойчивы (1–2 балла) к *B. graminis* 5 генотипов: к-4741, к-4756, к-4796 из Алжира и к-4729, к-4730 из Израиля. Среди изученных образцов 23 оказались гетерогенными, в числе которых к-1818 (Алжир), к-1892 (Марокко), к-4729 (Израиль), к-4783 (Сирия) имели растения с высоким (0–1 балл) уровнем устойчивости к грибу. Резистентные компоненты полиморфных форм отобраны, доведены до созревания и будут использованы в дальнейших исследованиях.

Работа выполнена в рамках Программы развития НЦГРР по соглашению с Минобрнауки России от 01.04.2026 г. № 075-02-2026-1649

ПАНГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ФИТОПАТОГЕНА ЛЬНА *Colletotrichum lini*

Иванкина Е.А.^{1*}, Каплун А.М.¹, Рожмина Т.А.², Дворянинова Е.М.¹, Пушкова Е.Н.¹,
Мельникова Н.В.¹, Дмитриев А.А.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, 119991,
Россия, Москва, ул. Вавилова, д. 32.

²Федеральный научный центр лубяных культур, 172002, Россия, Торжок, ул. Луначарского,
д. 35

*sigova.ea@phystech.edu

Лен (*Linum usitatissimum* L.) – ценная сельскохозяйственная культура, выращиваемая для получения волокна и богатых лигнанами и омега-3 жирными кислотами семян. Однако, производство льна сталкивается со значительными потерями из-за заболеваний, среди которых антракноз, вызываемый грибом *Colletotrichum lini* Manns et Bolley, является одним из наиболее активно распространяющихся и наносящих экономический ущерб. Изучение фитопатогенных грибов на полногеномном уровне позволяет выявить механизмы развития заболеваний и создать новые и усовершенствовать существующие стратегии борьбы с ними.

С использованием разработанного протокола для создания геномных сборок *C. lini* уровня T2T (telomere-to-telomere) на основе чтений Oxford Nanopore Technologies получили полные сборки геномов для 25 штаммов. Двадцать пять аннотированных T2T геномных сборок *C. lini* использованы для проведения пангеномного анализа, целью которого было охарактеризовать основные и вспомогательные части генома и исследовать хромосомную архитектуру. Длина сборок геномов *C. lini* – 53,6-54,9 млн.н.п., количество хромосом – 12-14, из них 10 основных и 2-4 дополнительных (менее 1 млн.н.п.), количество предсказанных генов – 12705-13096. В результате исследования выявлены четыре возможных набора хромосом в геноме *C. lini*: двенадцать хромосом – 1-12 (8 штаммов), тринадцать хромосом – 1-13 (6 штаммов) или 1-12 + 14 (2 штамма) и все возможные четырнадцать хромосом (1-14, 9 штаммов). После проведения функциональной аннотации установлено, что основные хромосомы (1-10) содержат в основном гены домашнего хозяйства, а дополнительные хромосомы 13 и 14 обогащены генами, участвующими в передаче сигналов, активности оксидоредуктазы и путях восстановления ДНК. Таким образом, штаммы фитопатогена *C. lini* характеризуется различным количеством и комбинацией дополнительных хромосом (от 2 до 4), и вероятно две из них (13 и 14) вовлечены в процесс заражения растений льна.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-16-00169-П, <https://rscf.ru/project/22-16-00169/>.

УСТАНОВЛЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ, ЛЕЖАЩИХ В ОСНОВЕ ФОРМИРОВАНИЯ КАЧЕСТВЕННОГО ВОЛОКНА И УСТОЙЧИВОСТИ К ПОЛЕГАНИЮ У ЛЬНА (*Linum usitatissimum* L.)

Крупская Д.А.^{1*}, Москаленко О.Д.¹, Рожмина Т.А.², Пушкова Е.Н.¹, Дмитриев А.А.¹,
Мельникова Н.В.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта Российской академии наук, 119991,
Россия, Москва, ул. Вавилова, д. 32.

²Федеральный научный центр лубяных культур, 172002, Россия, г. Торжок, ул. Луначарского,
д. 35

*zhernova.d@ya.ru

Лён – сельскохозяйственная культура двойного назначения. Из семян льна получают ценное масло, а из стеблей – прочное волокно. Современные подходы к селекции льна требуют всё большего привлечения методов молекулярной биологии и биотехнологии, таких как маркер-ориентированная и геномная селекция, а также геномное редактирование. Данные об участках генома, детерминирующих ценные признаки льна, однако, остаются разрозненными. Поэтому целью нашей работы стало выявление молекулярно-генетических механизмов формирования качественного волокна и устойчивости к полеганию у растений льна путём широкомасштабного анализа транскриптомных данных.

Для достижения поставленной цели создали транскриптомную карту для льна сорта Святогор, в которую вошли 80 вегетативных и генеративных органов на различных стадиях онтогенеза в разных условиях произрастания. Кроме того, получили геномную сборку хромосомного уровня для этого сорта льна. На основе высококачественной геномной сборки, аннотированной с использованием транскриптомных данных, провели анализ полученных нами данных для масштабного транскриптомного исследования 16 сортов льна в полевых условиях, контрастных по устойчивости к полеганию и качеству волокна. GO-анализ показал, что у устойчивых к полеганию генотипов в стебле на стадии бутонизации повышена экспрессия генов, участвующих в организации клеточной стенки и синтезе вторичной клеточной стенки. Вероятно, более позднее укрепление стенки способствует формированию гибкого волокна и устойчивости к полеганию. При анализе генотипов льна, контрастных по качеству волокна, выявлено, что у генотипов с низкой прядильной способностью гены фенилпропаноидного пути активируются раньше. Это, по-видимому, приводит к преждевременной лигнификации и формированию жесткой клеточной стенки, что ухудшает качество волокна.

Таким образом, выявлены паттерны экспрессии генов, потенциально вовлечённые в формирование изучаемых ценных признаков льна. Обнаруженные закономерности будут способствовать внедрению в селекцию льна методов молекулярной биологии для получения улучшенных сортов.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-64-00033 (транскриптомные исследования) и соглашения с Минобрнауки России № 075-15-2025-476 (геном и транскриптомная карта).

ХАРАКТЕРИСТИКА КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА БОЛЬНЫХ КОЛОРЕКТАЛЬНЫМ РАКОМ В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Баранова Е.Д.,* Дружинин В.Г.

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«Кемеровский государственный университет», Кафедра генетики и фундаментальной
медицины, 650000, Россия, Кемерово, ул. Красная д. 6.

*laveivana@mail.ru

Колоректальный рак (КРР) занимает одну из лидирующих позиций в структуре онкологической смертности во всем мире. В последние десятилетия ключевым фактором инициации и прогрессирования опухолей кишечника признана дисбиотическая трансформация микробиома. Учитывая влияние региональных особенностей питания и образа жизни на состав микробных сообществ, актуальным является изучение таксономического профиля микробиоты у пациентов в конкретных популяциях, в частности в регионе Западной Сибири. Целью настоящего исследования является описание таксономического состава микробиома кишечника у пациентов с КРР, проживающих в Западной Сибири.

Проведено секвенирование региона V3-V4 гена 16S рРНК в образцах фекалий 36 больных КРР и 45 здоровых добровольцев. Было идентифицировано 13 филумов, из которых содержание *Firmicutes* и *Bacteroidetes* составило более 70%, а также 171 род бактерий.

У пациентов с КРР установлено статистически значимое увеличение содержания представителей филумов *Proteobacteria* и *Fusobacteria*, а также родов *Bacteroides*, *Fusobacterium*, *Odoribacter*, *Sellimonas*, *Lachnospiraceae_UCG010* и *Parvimonas*. Одновременно в кишечнике больных КРР отмечено достоверное снижение содержания представителей следующих родов: *Ruminococcus*, *Incertae Sedis*, *Lachnospira*, *Fusicatenibacter* и *Cloacibacillus*. С учетом различных стадий КРР по классификации TNM проведено сопоставление микробного профиля. Было обнаружено, что представители рода *Akkermansia* (филум *Verrucomicrobiota*) достоверно преобладают на поздних стадиях заболевания (III–IV) по сравнению с начальными (I–II): 2,24% против 0,85% ($p=0,02$ для рода; 2,31% против 0,89%, $p=0,02$ для филума).

Полученные данные свидетельствуют о специфических изменениях микробиома при КРР, зависящих от стадии злокачественного процесса. Рост содержания *Akkermansia* на поздних стадиях может указывать на её возможную роль в качестве прогностического маркера.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (грант № 25-15-20012) и Министерства образования Кузбасса (соглашение № 02/2025).

МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ТРЕМАТОД РОДА *DIPLOSTOMUM* von NORDMANN, 1832 – ПАЗАЗИТОВ СО СЛОЖНЫМ ЖИЗНЕННЫМ ЦИКЛОМ

Лебедева Д.И.,^{1*} Зайцев Д.О.²

¹Институт биологии, Карельский научно-исследовательский центр Российской академии наук, 185910, Россия, Петрозаводск, ул. Пушкинская, д. 11

²Петрозаводский государственный университет, 185910, Россия, Петрозаводск, пр. Ленина, д.

33

*daryal78@mail.ru

Трематоды рода *Diplostomum* - интересная группа паразитов с высокой пластической изменчивостью морфологии на разных стадиях развития. Род представлен значительным числом видов с комплексным жизненным циклом, реализуемым с участием пресноводных моллюсков семейства Lymnaeidae в качестве первых промежуточных хозяев, различных видов рыб как вторых промежуточных хозяев, а также рыбоядных птиц (и предположительно, млекопитающих) как окончательных хозяев. Метациркуляции диплостомид доминируют в составе паразитофауны рыб различных водоемов и отмечены в числе наиболее опасных возбудителей паразитарных заболеваний рыб – диплостомозов. Благодаря использованию молекулярных методов в последние годы появилась возможность комплексной идентификации диплостомид.

Нами на основе интегративного подхода проведена частичная ревизия взрослых и личиночных стадий рода *Diplostomum*. Даны молекулярные характеристики паразитов по частичным последовательностям митохондриальных (cox1) и ядерных (ITS, 28S) генов. Подтверждена валидность видов *Diplostomum baeri*, *D. numericum*, *D. phoxini*, *D. petromyzifluviatilis*. очерчены предварительный круг промежуточных хозяев и ареал для некоторых других представителей рода из различных областей России и территорий ближнего и дальнего зарубежья. Исследования проводятся в рамках темы научно-исследовательских работ ИБ КарНЦ РАН (№ гос. рег. 122032100130-3).

СОЗДАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ БИОМАТЕРИАЛОВ ОТ ПАЦИЕНТОВ С ЭПИЛЕПТИЧЕСКОЙ ЭНЦЕФАЛОПАТИЕЙ РАЗВИТИЯ, ОБУСЛОВЛЕННОЙ ВАРИАНТАМИ В ГЕНЕ *CHD2*

Фонова Е.А., * Зуев А.С., Скрыбин Н.А.

Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный
исследовательский медицинский центр Российской академии наук, Томск, Россия

* fonova.elizaveta@medgenetics.ru

Ген *CHD2* кодирует хромодомен-хеликазный ДНК-связывающий белок 2, который играет важную роль в ремоделировании хроматина и регуляции экспрессии генов. Ген *CHD2* был идентифицирован как генетическая причина ранней эпилептической энцефалопатии в 2013 году, а основные клинические проявления, связанные с патогенными вариантами в гене, включают судороги (96% случаев), задержку психического развития и умственную отсталость (95%) и расстройства аутистического спектра (56%). Также наблюдаются другие признаки, такие как повышенная чувствительность к свету или психомоторная регрессия. При этом гаплонедостаточность гена вследствие одних и тех же вариантов SNV или CNV может приводить к значительной межиндивидуальной вариабельности клинических проявлений у носителей даже в пределах семьи.

Целью данной работы было создание биокolleкции в рамках работ «Биобанка наследственной патологии» и Сетевого центра коллективного пользования «Всероссийская коллекция биологических образцов наследственных болезней». В биоресурсную коллекцию включены как биологические образцы, так и клиничко-генетические данные пациентов с каузативными вариантами в гене *CHD2* для возможности проведения дальнейших исследований. В сотрудничестве с группой родителей пациентов *CHD2* из разных регионов РФ была сформирована биокolleкция от 21 пациента с вариантами в гене *CHD2* (кровь и ДНК). Выявленные варианты представлены 2 вариантами CNV и 20 вариантами однонуклеотидных замен: 8 патогенных вариантов, 5 вероятно-патогенных вариантов, 7 вариантов с неопределенной клинической значимостью (2 VUS у одного пациента). Таким образом, сделан первый этап формирования регистра пациентов с вариантами в гене *CHD2*. Создание данного регистра закладывает основу для системного анализа генотип-фенотипических корреляций, что в перспективе исследования патогенеза *CHD2*-ассоциированной патологии.

Исследование проведено в рамках реализации Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2030 годы и поддержано грантом Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (Соглашение от 29 мая 2025 года №075-15-2025-481).

ПРОГРАММА «МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА ВРОЖДЕННОГО ИХТИОЗА»: ДВА ГОДА ПЕРСОНАЛИЗИРОВАННОЙ ПОМОЩИ

Панкратова С.А.,* Ленина О.Р., Мартыненко Н.А., Васильева Т.А., Марахонов А.В.,
Зинченко Р.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Медико-генетический
научный центр имени академика Н.П. Бочкова», Лаборатория генетической эпидемиологии,
115478, Россия, Москва, ул. Москворечье, д. 1.

* sonechka.pankratova@yandex.ru

Введение. Врожденные ихтиозы – гетерогенная группа генодерматозов (более 100 фенотипов по ОМIM) с нарушением кератинизации, характеризующаяся полиморфизмом клинических проявлений. Сходство симптомов разных форм затрудняет дифференциальную диагностику, делая молекулярно-генетическое подтверждение ключевым для персонализированного ведения пациентов.

Цель. Представить результаты двух лет реализации программы бесплатной молекулярно-генетической диагностики врожденного ихтиоза в ФГБНУ «МГНЦ» и оценить её вклад в персонализированную медицину.

Материалы и методы. В программу с 2024 года включено 457 семей (547 пациентов) из Москвы и регионов РФ. Проведено секвенирование (полногеномное, полноэкзомное) и биоинформатический анализ. Большинство исследований выполнены на базе лаборатории генетической эпидемиологии, часть анализов проведена в лаборатории молекулярно-генетической диагностики, а также в ООО «Биотек Кампус».

Результаты. Молекулярный диагноз верифицирован у 377 пациентов: вульгарный ихтиоз (222), Х-сцепленный (93), аутосомно-рецессивный (51). Проанализировано 220 геномов, выявлено 11 редких double-trouble случаев. Из регионов РФ направлено 195 семей (лидируют: Республика Северная Осетия-Алания, Республика Башкортостан, Нижегородская область). Сейчас в работе 75 исследований.

Заключение. Сформирована одна из крупнейших в России клинико-генетических выборок пациентов с ихтиозом. Образцы дополнили коллекцию образцов пациентов в СЦКП «Биобанк» МГНЦ. Программа позволяет не только верифицировать молекулярный диагноз, но и выявлять гено-фенотипические корреляции, включая редкие формы сочетанного наследования. Полученные данные создают основу для прогнозирования тяжести заболевания, выбора персонализированной тактики ведения и оценки долгосрочного клинического прогноза, что критически важно для пациентов с наследственными дерматозами на всех этапах жизни.

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России для ФГБНУ «МГНЦ».

КЛИНИКО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА РАЗЛИЧНЫХ ФОРМ АЛЬБИНИЗМА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Ионова С.А.* , Жмурова-Кривенцова А.А., Кулагин А.С., Васильева Т.А., Марахонов А.В.,
Кадышев В.В., Зинченко Р.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Медико-генетический
научный центр имени академика Н.П. Бочкова", Россия, Москва, ул. Москворечье, д. 1.

*sofya.aydarovna.g@gmail.com

Альбинизм представляет собой клинически и генетически гетерогенную группу заболеваний, возникающих в результате нарушения синтеза меланина, созревания и транспорта меланосом. Основными симптомами альбинизма являются нарушение пигментации кожи, волос и патология глаз, которая сопровождается нарушением функционального зрения. Выделяют изолированные формы, такие как глазокожный и глазной альбинизм, и синдромальные формы (Германского-Пудлака, Чедиака-Хигаси, Грисцелли).

Альбинизм характеризуется значительной генетической гетерогенностью: множеством генов, широким спектром мутаций, высокой частотой вариантов с неопределённым клиническим значением и наличием гипоморфных аллелей. Ситуация осложняется предполагаемой этнической специфичностью мутационного спектра в многонациональной популяции России, не отражённой в международных базах данных. Клиническая картина отличается широким полиморфизмом — под маской изолированной формы могут скрываться синдромальные формы, для которых помимо нарушений пигментации описаны гематологические, иммунные и неврологические нарушения, отягощающие прогноз. Учитывая клинико-генетическое разнообразие альбинизма, одного клинического обследования недостаточно: верификация диагноза возможна только при сочетании клинических и молекулярно-генетических методов.

В лаборатории генетической эпидемиологии ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н. П. Бочкова» проводятся научные работы по изучению различных форм альбинизма, осуществляется клиническое обследование с привлечением врачей разных специальностей, разработан алгоритм генетической диагностики, реализуемый в рамках программы диагностики наследственных форм альбинизма. На сегодняшний день диагностика проведена для более чем 200 пациентов, выявлены как изолированные, так и синдромальные формы. Эффективность алгоритма позволяет подтвердить диагноз более чем в 80% случаев. Таким образом, установление точного диагноза при различных формах альбинизма возможно только при комплексном подходе. При выявлении синдромальных форм требуется привлечение широкого круга профильных специалистов и назначение более широкого спектра диагностических и лечебных мероприятий по сравнению с изолированными формами. Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России для ФГБНУ «МГНЦ».

ВОССТАНОВЛЕНИЕ ПОЛНОГЕНОМНЫХ ДАННЫХ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ЛОКАЛЬНЫХ РЕФЕРЕНСНЫХ ПАНЕЛЕЙ

Чинаров К.Ю.

Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста,
142132, Россия, Московская обл., г.о. Подольск, п. Дубровицы, д. 60.

chinarov.kirill@mail.ru

Референсные панели, составленные из животных, которые отобраны как наиболее разнообразное подмножество из популяции свиней породы дюрок, демонстрируют результаты восстановления (импутации) геномных данных, сопоставимые с крупными зарубежными референсными панелями по точности восстановления, при этом число восстановленных позиций снижается. В связи с этим, ценность представляет дополнение крупных зарубежных референсных панелей локальными полногеномными данными. Импутация дает ощутимые выгоды при проведении полногеномных ассоциативных исследований (GWAS), поскольку возрастает число выявленных достоверных SNP. Кроме того, возрастает число локусов, которые формируются как группы SNP, находящиеся между собой в низком неравновесном сцеплении, которые демонстрируют ассоциации при установлении для SNP суггестивного порога. При дополнении панелей возникают вопросы по выбору подходов для отбора животных для секвенирования. Кроме того, актуальным является выявление паттернов, позволяющих выделить позиции в геноме, которые наиболее точно восстанавливаются при применении локальных панелей. Таким образом, формирование собственных референсных панелей имеет ценность для восстановления полиморфизмов, которые сегрегируют только в локальных популяциях. Последнее представляет особый интерес для проведения GWAS, цель которых заключается в выявлении локусов, ассоциированных с фенотипами. Это дает возможность получения новой информации лишь при охвате полиморфизмов, которые не представлены и, соответственно, не могут быть обнаружены в других популяциях.

ЭКЗОСОМЫ ФОЛЛИКУЛЯРНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ПОВЫШАЮТ РЕЗУЛЬТАТИВНОСТЬ ПОЛУЧЕНИЯ ЭМБРИОНОВ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА В УСЛОВИЯХ IN VITRO

Шедова Е.Н.,^{1*} Сингина Г.Н.¹, Узбекова С.В.², Узбеков Р.³

¹ФГБНУ Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, 142132 Россия, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, д. 60

²Отделение физиологии репродукции и поведения, ИНРАЕ, Университет Тура, 37380, Франция.

³Лаборатория клеточной биологии и электронной микроскопии, медицинский факультет, Университет Тура, 37032 Тур, Франция.

*shedvek@yandex.ru

Эффективность биотехнологии получения эмбрионов *in vitro* (IVP), являющейся ключевым инструментом сохранения ценных генотипов в скотоводстве, во многом зависит от условий экстракорпорального созревания ооцитов, которые все еще остаются субоптимальными и требуют усовершенствования. Поиск биологических факторов, повышающих качество ооцитов в период их созревания *in vitro* (IVM) может способствовать решению данной проблемы. В представленной работе в качестве такого регулятора исследованы внеклеточные везикулы (extracellular vesicles, EVs), полученные из фолликулярной жидкости (ФЖ) яичников коров. EVs из ФЖ выделяли методом дифференциального центрифугирования и ультрацентрифугирования. Трансмиссионная электронная микроскопия, подтвердила, что в выделенных препаратах присутствуют EVs, соответствующие по размерам экзосомам, а Вестерн-блот анализ образцов выявил наличие специфических маркеров экзосом — CD81 и CD63. Ооциты коров культивировали в среде IVM без гормонов в отсутствие (контроль) или в присутствии EVs (опыт). EVs добавляли в среду в физиологической концентрации (на 1 мл среды — количество EVs, выделенное из 1 мл ФЖ). Через 24 ч созревания ооциты подвергали экстракорпоральному оплодотворению (IVF) и культивированию для эмбрионального развития, а также проводили оценку качества полученных бластоцист. Часть созревших ооцитов была использована для цитологического анализа. Присутствие EVs в среде IVM не повлияло на ядерное созревание ооцитов, но улучшало их качество, уменьшив по сравнению с контролем частоту хромосомных аномалий с 37 ± 1.0 до $18.8 \pm 0.6\%$ и уровень апоптоза с $20.3 \pm 1.4\%$ до $6.2 \pm 1.5\%$ ($p < 0.001$), а также повысив после IVF выход бластоцист с 22.4 ± 2.3 до $33.1 \pm 3.2\%$ ($p < 0.05$) и устойчивость последних к замораживанию. Следовательно, EVs типа экзосом из ФЖ на этапе IVM могут быть использованы для повышения эффективности IVP технологии у крупного рогатого скота. Работа выполнена при поддержке РНФ (проект № 24-16-00261).

phiLM21 ПОДОБНЫЕ ПРОФАГИ КАК ИСТОЧНИК СКРЫТОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА *SINORHIZOBIUM MELILOTI*

Владимирова М.Е.^{*}, Румянцева М.Л.

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», 196608, Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин-8, шоссе Подбельского, д. 3.

^{*}mariiacherkasova@arriam.ru

Горизонтальный перенос генов, опосредованный бактериофагами, играет ключевую роль в эволюции и диверсификации микроорганизмов, однако эта роль хорошо изучена преимущественно для патогенных бактерий. Сведения о фагах непатогенных видов, включая клубеньковые азотфиксирующие бактерии, остаются ограниченными. Показано, что в геномах современных генетически неродственных микросимбионтов люцерны, *Sinorhizobium meliloti*, наиболее распространены последовательности, подобные интактному умеренному фагу phiLM21, – профаги phiLM21-ПП. Анализ нуклеотидных последовательностей phiLM21-ПП выявил значительные различия в уровне их сходства с фагом phiLM21, что указывает на их активную диверсификацию. Анализ белковых продуктов открытых рамок считывания (ОРС) профагов показал их соответствие как белкам фага phiLM21, так и белкам фагов, инфицирующих бактерии филогенетически удаленных таксонов (*Rhizobium*, *Pseudomonas* и *Azospirillum*), а также белкам бактерий разных родов. Впервые показано, что более 50% phiLM21-ПП содержат ОРС, кодирующие белки семейства липокалинов, связанные в том числе с иммунным ответом и реакцией клетки на стресс. Отдельный интерес представляют ОРС, соответствующие гипотетическим белкам с неизвестными функциями («темная материя» генома), доля которых достигает 65% от профагового метавирома. Таким образом, phiLM21-ПП подобны «контейнерам» ОРС. Заключение в них генетическая информация может потенциально влиять на метаболические и защитные процессы клетки, что в результате способствует увеличению генетического разнообразия микросимбионтов и стимулирует их эволюционную пластичность.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2025-472 от «29» мая 2025 г.

ПРОТЕКТОРНОЕ ДЕЙСТВИЕ АНТОЦИАНОВОЙ РЖИ В ТЕСТ-СИСТЕМЕ *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Прохоренко Н.И.,* Голубкова Е.В.

Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК

*prohorenko3n@mail.ru

В свете глобальных тенденций здорового питания возрастает интерес к натуральным источникам биоактивных веществ, способных снижать окислительный стресс – один из основных факторов старения и дегенеративных процессов. Рожь с фиолетовой окраской зерна, поддерживаемая в генетической коллекции кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ, представляет собой уникальный источник флавоноидов (прежде всего антоцианов), содержание которых в данных линиях значительно превышает у традиционных сортов. В связи с этим возникает необходимость всестороннего изучения биологического действия флавоноидов на модельных организмах, что позволит объективно оценить их биологические эффекты. В данном исследовании на модели *Drosophila melanogaster* мы оценивали влияние обогащения питательной среды гомогенатом зерна антоциановой ржи на показатели плодовитости и частоту атрофии гонад.

Выявлено, что среда с добавлением фиолетовозерной ржи снижает частоту атрофии гонад, вероятно, за счёт антиоксидантных свойств антоцианов. При этом общая плодовитость мух (число потомков на пару) на разных средах значимо не различалась, что свидетельствует об отсутствии токсического действия изученного гомогената на репродуктивную функцию в целом. Таким образом, антоциановая рожь оказывает защитный эффект в отношении целостности гонад, не снижая плодовитости дрозофилы.

Дальнейшее изучение механизмов антиоксидантного и антимуtagenного действия флавоноидов позволит уточнить роль антоцианов фиолетовозерной ржи в защите от окислительного стресса.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта СПбГУ «Изучение генетических основ внутривидовой изменчивости, надорганизменных взаимодействий и таксономического разнообразия с использованием биоресурсных коллекций» (ID Pure 115624290).

ОЦЕНКА ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ СВОЙСТВ ЗЕРНА АНТОЦИАНОВО ОКРАШЕННЫХ ГОЛОЗЕРНЫХ ПШЕНИЧНО-ПОЛБЯНЫХ ГИБРИДОВ

Молобекова К.А. *, Гордеева Е.И., Шоева О.Ю.

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, 630090, г. Новосибирск, пр. ак.
Лавреньева, 10.

*k.molobekova@bionet.nsc.ru

Одним из перспективных направлений селекции является создание гибридов полбы с повышенным содержанием антоцианов в зерне для производства продуктов здорового питания. Ранее нами были получены голозерные пшенично-полбяные гибриды, накапливающие антоцианы в зерновках. В данной работе была проведена оценка качества зерна гибридов урожая 2025 года по содержанию антоцианов, фенольных соединений, белка, антиоксидантной активности и массе 1000 зерен.

Фиолетовозерные гибриды были получены в результате гибридизации фиолетовозерной твёрдой пшеницы *T. durum* Tri15744 с двумя формами полбы и последующего беккроссирования с голозерной полбой сорт Греммэ. Содержание антоцианов у полученных гибридов варьировало от 25,8 до 68,9 мкг/г сухого веса (у родителя *T. durum* Tri15744 – 24,6). Лучшие образцы имели высокое содержание фенольных соединений (2705–2924 мкг-экв. феруловой кислоты/г сухого веса) и белка (до 20,4%) при массе 1000 зерен 27,8–36,3 г. Данные гибриды рекомендуются для государственного сортоиспытания в условиях Западной Сибири.

Для получения голубозерных гибридов была проведена отдалённая гибридизация дикой голубозерной однозернянки *Triticum boeoticum* с тетраплоидной пшеницей. В результате беккроссирования и самоопыления получены стабильные тетраплоидные пшенично-полбяные гибриды с голубой окраской зерна. Они характеризовались рекордно высоким накоплением антоцианов (78,2–106,3 мкг/г сухого веса) и фенольных соединений (до 3058 мкг-экв. феруловой кислоты/г сухого веса), что, однако, может быть связано со сниженной массой 1000 зерен (19,6–20,8 г) и меньшей фракцией эндосперма. Тем не менее, гибриды обладали высоким содержанием белка (19,5–20,2%). В дальнейшем эти линии будут использованы в качестве доноров голубой окраски зерна в скрещиваниях с тетраплоидной твердой культурной пшеницей.

Исследование поддержано грантом РНФ № 25-26-20157 и Министерством науки и инновационной политики Новосибирской области (соглашение от 21.04.2025 № 30-2025-001058) (<https://grant.rscf.ru/site/user/bids?role=master>).

ЗЕРНО СОРТА РЖИ ГРАФИНЯ ДЕМОНСТРИРУЕТ ВЫСОКИЙ ПОКАЗАТЕЛЬ АНТИОКИСЛИТЕЛЬНОЙ СПОСОБНОСТИ И ЕГО БОЛЬШУЮ ВНУТРИПОПУЛЯЦИОННУЮ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ

Рычалина А.В.^{1,2*}, Зыкин П.А.¹, Цветкова Н.В.¹, Буланов А.Н.², Андреева Е.А.^{1,2},
Войлоков А.В.²

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

²Институт Общей Генетики им. академика Н.И. Вавилова Российской Академии Наук, 119991,
Россия, Москва, ул. Губкина, 3

*Alrychalina@yandex.ru

Старение организма – комплексный процесс, на который, согласно свободнорадикальной теории, влияет хронический окислительный стресс, являющийся фактором риска для многих болезней (сердечно-сосудистых, нейродегенеративных и других). Доступные исследования показывают положительный эффект на здоровье человека при употреблении разнообразной пищи с высоким уровнем антиоксидантов.

Рожь – традиционная российская зерновая культура с изначально высоким уровнем содержания вторичных метаболитов и антиокислительной активностью (АА), которые могут быть улучшены селекцией. Для этого необходимо количественное измерение имеющегося разнообразия АА в пределах конкретного сорта и оценка вклада генетических факторов и влияния окружающей среды в формирование признака.

Измерение АА в муке ржи проводили прямым методом анализа (ABTS-TEAC в модификации QUENCHER), измерение других сельскохозяйственно-важных параметров – неразрушающими методами БИК и имидж-анализа. Зерно получено при выращивании в 2022–2023 гг. на опытном участке вблизи усадьбы Сергиевка (г. Петергоф, Россия). Каждое из 50 растений сорта Графиня было поделено на 5 вегетативных клонов, рассаженных в случайном порядке в 5 повторностях. Завязывание зерна у конкретного растения происходило преимущественно при опылении пылью соседних растений, что позволяет выявить вклад генотипа в антиоксидантную активность.

Анализ АА показал значительный разброс среди изученных растений – от 0,529 до 0,992 ммоль ТЕ/г. Максимальная и минимальная активность отмечены у растений 1 повторности: №1 (0,992) и №28 (0,529). Большинство растений (97 образцов; 40,4 %) сформировали группу со средними значениями (0,660-0,749). Наследуемость антиоксидантной активности (H^2) составляет 54,1%, что указывает на выраженный генетический контроль признака. Внутрикласовая корреляция для среды ($ICC = 0,41$; $p < 0,001$) свидетельствует об умеренном влиянии условий выращивания.

Вышесказанное позволяет сделать вывод о целесообразности селекции на повышение антиоксидантной активности.

Работа выполняется при поддержке СПбГУ, шифр проекта 124032000041-1.

ГЕНЫ, УЧАСТВУЮЩИЕ В БИОСИНТЕЗЕ КУМАРИНОВ ДОННИКА (MELILOTUS MILL.): ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ

Захарчевный И.Г.^{*}, Попов В.С., Иноземцева А.В., Малышев Л.Л.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190031, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская 42,44

^{*}ivan.saint-petersburg@yandex.ru

Донник (*Melilotus* Mill.) это растение из семейства бобовых (*Fabaceae* Lindl.), используемое в различных областях: кормопроизводстве, медицине и биотехнологии. Также донник можно использовать как зеленое удобрение обладающее рядом уникальных свойств за счет своего биохимического состава. Содержащиеся во всех частях растения кумарины (фенольные соединения, производные коричных кислот) с одной стороны накладывают некоторые ограничения на использование кормов из донника, с другой стороны являются источником ценных соединений применяемых в фармакологии.

Понимание генетических механизмов биосинтеза кумаринов позволяет вести селекционную работу основываясь на использовании ДНК-маркеров, ускоряя процесс отбора растений с нужными свойствами.

Известны несколько групп генов, участвующих в биосинтетическом пути кумаринов: PAL, C4H, COSY, UGT, BGLU и другие. В своей работе мы изучаем две группы генов: UGT и BGLU. В фенилпропаноидном пути синтеза гены группы UGT регулируют гликозилирование, а гены группы BGLU - гидролиз, тем самым отвечая за накопление и активность кумаринов.

Материалы и методы исследований: для генетического исследования нами отобраны несколько образцов донника разных видов из коллекции ВИР, контрастные по содержанию кумаринов. Генетическим исследованиям предшествовала работа по фенотипированию изучаемых образцов и работа по спектрофотометрическому определению содержания кумаринов в спиртовом извлечении из семян (по модифицированной авторами методике).

Амплификацию генов BGLU и UGT проводим со специфичными праймерами подобранными по литературным данным. Наличие и длину ампликонов определяем методом электрофореза в 2% ТАЕ-агарозном геле с помощью бромистого этидия, используем ДНК маркер Step50 plus. Результаты ПЦР подтверждают наличие целевых фрагментов в ДНК исследуемых образцов. Анализ генетических различий между образцами, контрастными по содержанию кумаринов, позволит внести вклад в разработку методов селекции донника.

СОЗДАНИЕ ВЕКТОРНОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ПРОВЕРКИ СТРУКТУРЫ МОДИФИЦИРОВАННОГО ЗАПАСАЮЩЕГО БЕЛКА ГОРОХА ПОСЕВНОГО (*PISUM SATIVUM L.*)

Яжгур А.А.^{1*}, Храмов Д.Д.¹, Скребенков Е.А.^{1,3}, Павлова О.А.^{2,4}, Богомаз Д.И.^{1,2}

¹ФГАОУ ВО Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Институт биомедицинских систем и биотехнологий, 194021, Россия, Санкт-Петербург, Хлопина д. 11.

²ООО «Бигль», 192289, Санкт-Петербург, Петродворцовый район, посёлок Стрельна, Санкт-Петербургское шоссе, 88.

³АО «БИОКАД», 191186, Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Итальянская, д.17, лит. А.

⁴АО «Международный Центр Репродуктивной Медицины», 197350, Россия, Санкт-Петербург, проспект Комендантский, дом 53, корпус.

* triugol239@gmail.com

Белок вицилин– основной запасующий белок бобовых растений, в частности гороха посевного (*Pisum sativum L.*). Изменение нуклеотидной последовательности гена этого белка дает возможность изменять аминокислотный состав и повышать пищевую ценность бобовых, создавая продукты с более сбалансированным составом питательных веществ.

Целью настоящей работы стало создание модифицированной экспрессионной конструкции в бактериях *E. coli*. Осуществлялось создание новой кодирующей последовательности гена вицилина с измененным содержанием незаменимых аминокислот. Результаты данного исследования позволят произвести белковую пищу с более сбалансированным аминокислотным составом, что особенно актуально для людей, ограниченно усваивающих животный белок.

Проектирование конструкции и оптимизация генетических кодонов проводилась в программах UGENE и Vector NTI. Осуществлялось сборка целевой последовательности длиной в 1500 п.о. с помощью асимметричной и перекрывающейся ПЦР. Сконструированная конструкция клонировалась в клонирующий вектор pJET 1.2 и трансформировалась в штамм *E. coli*. Корректность сборки и отсутствие мутации были подтверждены методом ПЦР-скрининга и секвенирования по Сенгеру.

Молекулярное клонирование целевой последовательности гена вицилина в экспрессионный вектор pET302/NT-His осуществлялось посредством целенаправленной инсерции фрагмента по сайтам рестрикции BamHI и EcoRI, расположенным в области T7-промотора и терминатора. Применение указанных эндонуклеаз позволит обеспечить правильную ориентацию вставки и сохранение рамки считывания. Обилие регуляторных элементов T7-системы в совокупности с точным позиционированием гена позволило обеспечить стабильную и высокоэффективную экспрессию целевого продукта в клетках *E. coli*.

Настоящая работа представляет собой важный шаг в разработке методологии модификации белков без изменения их структуры и экспрессии растительных запасующих белков в их системах. В перспективе планируется исследование структуры

рекомбинантного белка и тест на цитотоксичность. При положительных результатах планируется использование конструкции для агробактериальной трансформации растений.

Работа выполнена при поддержке компании ООО «Бигль».

КАРИОГЕНОМИКА *SALVIA GRANDIFLORA* ETL.

Кальнюк Ю.В., * Юркевич О.Ю., Семенов А.Р., Зошук С.А., Амосова А.В., Муравенко О.В.

Институт молекулярной биологии им. В. А. Энгельгардта РАН, Лаборатория молекулярной кариологии, 119991, Россия, Москва, ул. Вавилова, 32.

* julia99kalniuk99@yandex.ru

Род Шалфей (*Salvia* L.) — крупнейший род из семейства Яснотковые (Lamiaceae), объединяющий более 1000 видов в 11 подродов. Для видов *Salvia officinalis* и *S.grandiflora* подрода *Salvia* в эфирных маслах характерно преобладание ценных монотерпенов (α -туйон, камфора, 1,8-цинеол). Сходный состав эфирного масла делает *S.grandiflora* перспективным видом для использования в медицинской практике подобно *S.officinalis*. Сравнительное изучение хромосомной организации геномов этих близкородственных видов позволит подобрать видоспецифичные и варьируемые цитогенетические маркеры для уточнения их геномных взаимоотношений, выявления хромосомных перестроек и применения в маркер-сопутствующей селекции высокопродуктивных сортов. Для анализа межвидовой геномной изменчивости *S.officinalis* и *S.grandiflora* проведен FISH-анализ на хромосомах *S.grandiflora* с использованием зондов 45S и 5S рДНК и семейств сателлитных ДНК (сатДНК), идентифицированных в геноме *S.officinalis*. Показано, что кариотип *S.grandiflora* представлен 7 парами хромосом, которые были классифицированы в соответствии с морфологией и распределением цитогенетических маркеров. Выявлено, что крупные 45S рДНК кластеры локализованы на коротких плечах 2 и 3 пар хромосом и минорные локусы - на 7 паре хромосом. Локусы 5S рДНК ко-локализованы на коротких плечах 3 и 7 хромосомных пар совместно с 45S рДНК. СатДНК SO3, SO4 и SO202 продемонстрировали кластерную локализацию в субтеломерной области длинного плеча 4 пары хромосом. Кластеры SO113 распределены в прицентромерных районах всех хромосом. Минорные сайты SO4 локализованы в субтеломерных районах большинства хромосом. Таким образом, картина распределения изученных цитогенетических маркеров на хромосомах *S.grandiflora* аналогична их распределению на хромосомах *S.officinalis*. Полученные результаты указывают на близкое родство геномов этих видов и недавнюю дивергенцию *S.officinalis* и *S.grandiflora* от общего предка.

Работа поддержана Программой фундаментальных научных исследований в Российской Федерации (2021 – 2030 годы) (тема 124031500018-1).

**ВАРЬИРОВАНИЕ СОСТАВА ЛЕТУЧИХ КОМПОНЕНТОВ В ЛИСТЬЯХ
ОТЕЧЕСТВЕННЫХ СОРТОВ БАЗИЛИКА (*OCIMUM BASILICUM* L., *O. ×
CITRIODORUM* VIS., *O. MINIMUM* L.) В УСЛОВИЯХ СИТИ-ФЕРМЫ И
ОТКРЫТОГО ГРУНТА**

Аникина Д.С.,^{1,2*} Широкова А.В.,² Ружицкий А.О.,² Дмитриева В.Л.,¹ Дмитриев Л.Б.,¹
Харченко В.А.,⁴ Буторина Н.Н.,³ Шевкунов А.Б.,² Джатдоева С.А.²

¹ФБГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева», Кафедра химии, 127434, Россия, Москва, ул. Тимирязевская, д. 49.

²ФГУ «Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук», Группа агробиотехнологии, 119071, Россия, Москва, Ленинский пр-кт, д. 33, стр. 2.

³ФГБУН Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук, 119071, Россия, Москва, Ленинский проспект, д. 33.

⁴ФГБНУ «Федеральный научный центр овощеводства», Лаборатория зеленных и пряно-вкусовых культур, 143080, Россия, Московская обл., п. ВНИИССОК, ул. Селекционная, д. 14.

*black-cat99@inbox.ru

Базилик (*Ocimum* L.) – известная эфиромасличная и пряно-ароматическая культура, широко возделываемая ради ароматных листьев, насыщенных биологически активными соединениями. В современных условиях для его выращивания используют «умные» сити-фермы. Цель исследования – изучить влияние светодиодного освещения с различным спектральным составом света на состав летучих компонентов в листьях отечественных сортов базилика.

Были использованы сорта селекции ФГБНУ ФНЦО (*O. × citriodorum* Vis. "Каприз", *O. basilicum* L. образец №232/21) и фирмы «Гавриш» (*O. minimum* "Космос"). Для оценки воздействия мультиспектрального фитооблучения на состав компонентов эфирного масла (ЭМ) растения выращивали в вертикальной сити-ферме (ФИЦ Биотехнологии РАН) при 16-часовом фотопериоде с применением трех экспериментальных режимов LED-освещения (уровень освещенности составлял около 7000 лм/0,5 м², плотность фотонного потока – 146 мкмоль/0,5 м²/с). Контролем служили растения, выращенные на экспериментальном участке «Черноголовка» (ИПЭЭ РАН).

Компонентный состав ЭМ анализировали в экстрактах свежих листьев, собранных в фазе начала цветения, методом газовой хроматографии с масс-селективным детектированием в аналитической лаборатории ФИЦ Биотехнологии РАН. В качестве экстрагента в соотношении 1:2 (w/v) использовали равнообъемную смесь МеОН/гексан/бензол.

Как показал биохимический анализ, у *O. basilicum* в условиях сити-фермы в листьях растений изменяется соотношение метилциннамата (82-87%) и линалоола (около 1%) по сравнению с контролем (64% и 11%). Аналогично изменялось соотношение эвгенола (42-49%) и линалоола (12-18%) у *O. minimum* против 28% и 18%. В листьях «полевых» растений *O. ×*

citriodorum преобладал цитраль (нераль 27%, гераниаль 38%), а в листьях растений сити-фермы неожиданно появился метилхавикол (12-20%).

Контролируемое LED-освещение, характеризующееся высокой долей фотооблучения в красной (35-45%) области спектра, способствовало направленному биосинтезу фенилпропаноидов. В открытом грунте, напротив, метаболические ресурсы были перераспределены в пользу биосинтеза терпеноидов, в первую очередь сесквитерпенов и кислородсодержащих монотерпенов.

ПЦР-АНАЛИЗ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К АНОКСИИ У СЕЛЕКЦИОННЫХ ЛИНИЙ РИСА

Черткова Н.Г.,^{1,2*} Костылев И.И.^{1,2}

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии,
199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. 7-9-11 АК.

² ФГБНУ «АНЦ «Донской», Центр фундаментальных научных исследований, 347740, Россия,
Зерноград, Научный городок, д. 3.

*tysik17082012@gmail.com

Рис является злаковой культурой и служит важным источником пищи для миллиардов людей. Методы выращивания риса в основном делятся на пересадочную культуру и прямой посев семян риса. В России применяют прямой способ посева с последующим затоплением поля водой. Он имеет ряд недостатков: приводит к плохим всходам и низкой выживаемости растений риса на ранних стадиях развития, формированию низкой урожайности и т.д. С другой стороны затопление поля сразу после посева может выступать в качестве природного гербицида в борьбе с сорной растительностью. Отбор линий риса по морфо-физиологическим признакам является длительным и дорогостоящим способом. Поэтому решением данной проблемы может стать применение генетических маркеров при отборе селекционных линий риса, устойчивых к аноксии. Цель исследования – идентификация генов устойчивости к глубоководному затоплению *SUB1A* и *SNORKEL1* (*SK1*) в селекционных линиях риса. Объектом исследования являлись селекционные линии риса, полученные в результате гибридизации зарубежных донорных сортов, устойчивых к аноксии, с отечественными сортами, отобранные в лаборатории риса ФГБНУ «АНЦ «Донской» (Ростовская область). Геномную ДНК риса выделяли СТАВ-методом. По данным литературы были отобраны сиквенсы SSR-маркеров генов устойчивости к аноксии *SUB1A* и *SK1*. Проводили расчёт частоты рекомбинации (Rf). Для исследования были отобраны 108 селекционных линий риса. В результате ПЦР-анализа доминантный аллель гена *SUB1A* идентифицировали у донорных сортов Inbara-3, BR-11, Swarna, CR-1009, IR-64 и в 35 селекционных линий риса. Доминантный аллель гена *SK1* идентифицировали у донорных сортов Khao Hlan On, Kharsu 80A, Marzhan Red и у 13 селекционных линий риса. Частота рекомбинации была менее 5%, что свидетельствует о сцепленном наследовании данных маркеров с геном интереса. В результате исследования отобраны 48 селекционных линий риса, устойчивых к аноксии.

Работа выполнена по гранту РНФ № 25-14-00074 (PURE ID: 136071362) Исследование стратегий адаптации риса к недостатку кислорода на основе омиксных технологий

БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ ПОДХОД К РАЗРАБОТКЕ МАРКЕРОВ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ФИТОФТОРОЗУ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ КАРТОФЕЛЯ

Гурина А.А., Иванова Е.А., Алпатьева Н.В., Рогозина Е.В.

ФГБНУ ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И.Вавилова

a.gurina@vir.nw.ru

Разнообразие генетических ресурсов растений в коллекциях генбанков является основой селекционных работ. Образцы различных групп генофонда картофеля обладают высоким уровнем генетического разнообразия, что осложняет их изучение. Особенно сильно это проявляется при исследовании механизмов и генов устойчивости, поскольку *R*-гены представлены в геномах в виде крупных кластеров гомологичных последовательностей, а потому выявление функциональных аллелей и разработка точечных маркеров является крайне сложной задачей. Существующие маркеры разрабатывались для конкретных весьма узких выборок и при исследовании образцов другого происхождения часто дают недостоверный результат.

В нашем исследовании биоинформатический подход использован при разработке ДНК-маркеров генов устойчивости картофеля к фитофторозу для скрининга коллекции сложных многовидовых гибридов картофеля (80 генотипов). Используя открытые данные последовательностей геномов семи диких и двух культурных видов картофеля, входящих в родословные гибридов, мы выявили последовательности гомологичные десяти известным генам устойчивости к фитофторозу (*R1*, *R2*, *R3a*, *R3b*, *R8*, *Rpi-blb1*, *Rpi-blb2*, *Rpi-ber1*, *Rpi-chc1*, *Rpi-vnt1*). Гомологи гена *Rpi-chc1* были найдены единично только в геномах *S. cardiophyllum* и *S. microdontum*, Гомологи остальных изученных генов были представлены группой паралогов в каждом из геномов и при помощи филогенетического анализа были отобраны последовательности эволюционно более близкие известному функциональному гену, что позволило разработать вырожденные праймеры, которые обеспечат отжиг именно на эти последовательности. Мы полагаем, что данный подход позволит амплифицировать и секвенировать интересующие нас фрагменты и послужит основой для дальнейшего создания функциональных маркеров пригодных для маркер-ассоциированной селекции. *In silico* анализ — это первый этап длительных исследований, посвященных изучению полиморфизма, эволюции и поиску функциональных вариантов генов устойчивости в разнородном селекционно-ценном материале.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда, проект №25-46-02027.

ОЦЕНКА СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К Y-ВИРУСУ КАРТОФЕЛЯ И НАЛИЧИЕ ДНК-МАРКЕРОВ *R_y*-ГЕНОВ

Кржижановский Д.А., ^{1*} Киру С.Д., ¹ Рогозина Е.В. ²

¹Санкт-Петербургский государственный аграрный университет. Институт агротехнологий и пищевых производств. 196601 Санкт-Петербург, Пушкин, Петербургское шоссе 2.

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова. (ВИР). Одел генетических ресурсов картофеля. 190031 г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д.42,44.

*dkrzhizhanovskiy01@mail.ru

Картофель поражают более 40 вирусов, среди которых вирус Y (PVY, YBK) – один из наиболее опасных и повсеместно распространенных. Для устойчивого развития российского картофелеводства и получения экологически чистой продукции необходимы сорта не поражаемые вирусными болезнями. Гены крайней устойчивости *R_y_{sto}* и *R_y_{chc}* обеспечивают надежную защиту картофеля от YBK. Для отечественной селекции разработка надежных диагностических маркеров для отбора устойчивых к YBK форм является актуальной задачей. Цель исследования: оценить отечественные и зарубежные сорта картофеля по устойчивости к YBK и другим мозаичным вирусам и определить диагностическую ценность молекулярных маркеров, использованных в зарубежных селекционных программах, для отбора форм с *R_y* генами. Материал исследования: 34 сорта картофеля отечественной и зарубежной селекции в полевом опыте 2025 года в НПБ Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР. Методы: фенологические наблюдения, учет роста и развития растений, поражаемости вирусами при визуальной диагностике и методом ИФА (иммуноферментного анализа), учёт урожая и оценка пораженности клубней, молекулярно-генетический анализ по генам *R_y_{sto}* и *R_y_{chc}*. Результаты: при визуальной диагностике не обнаружены симптомы вирусных заболеваний на растениях сортов: Аляска, Арлекин, Атлетик, Варяг, Дачный, Моряк, Пламя, Сиверский. Диагностика методом ИФА не обнаружила ХБК, SBK, MBK, YBK, LBK у сортов Гранд, Tilbury (Франция); сорта Алуэтт, Аляска, Варяг, Гала, Краса Мещеры, Кумач, Легенда, Пламя, Розовый чародей, Сердолик, Сокур, Утро, Шах, Bavator (Германия), Partner (Германия) не поражались YBK, но были инфицированы MBK. Лучшие по продуктивности сорта Нур-Алем (Казахстан) со средней урожайностью 1417,8 г/куст и Шах (Россия) со средней урожайностью 1 047,8 г/куст. Для проведения ПЦР, на основе литературных данных, подобраны праймеры для идентификации маркерных фрагментов генов *R_y_{sto}*, (MN393235.1) и *R_y_{chc}* (LC726345.1, ON553756.1).

ПОИСК ЭФФЕКТИВНЫХ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ *Rpi-blb1* И *R8* У ГИБРИДОВ КАРТОФЕЛЯ

Иванова Е.А., Алпатьева Н.В., Рогозина Е.В.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190031, Россия, Санкт-Петербург, Б.Морская 42-44.

*ekaterinazavarikhina@yandex.ru

Гены устойчивости картофеля к фитофторозу (*Rpi*- гены) обнаружены и клонированы у представителей 32 диких видов *Solanum*; с помощью маркерных и омиксных технологий комбинации *Rpi*-генов выявлены у зарубежных сортов Bionica, Sargo Mira, Алуэт. Молекулярный и фитопатологический скрининг отечественных сортов и гибридов представляет актуальное направление исследований, которое позволит выявить новые гены устойчивости или новые аллели уже известных генов и разработать ДНК маркеры для эффективного отбора ценных сегрегантов в практической селекции.

Цель работы: оценить клон сложного многовидового гибрида картофеля 16/27-09 с высокой устойчивостью к фитофторозу на наличие генов *Rpi-blb1* и *R8*, эффективных против большинства рас *Phytophthora infestans*.

Материал. Клоны 16/27-09 (устойчивый) и 8-1-2004 (восприимчивый) и популяция гибридов F1 16/27-09 × 8-1-2004 (80 генотипов).

Результаты. Маркерные ПЦР фрагменты генов *Rpi-blb1* и *R8* обнаружены у клона 16/27-09, у 43 и 38 гибридов F1 соответственно. Выявлена достоверная связь между устойчивостью гибридов F1 к фитофторозу и наличием у них одновременно двух маркеров генов *Rpi-R8* и *Rpi-blb1*: коэффициент ассоциации $r=0,24$, $t_r=2,18 > t_{05}=1,96$. С помощью праймеров, разработанных на участки кодирующих последовательностей генов *Rpi-blb1* (GenBank:OQ789388.1) и *R8* (GenBank:KU530153.1), у клона 16/27-09 были амплифицированы и в дальнейшем секвенированы по три ПЦР фрагмента каждого гена. Проанализированные последовательности отличались множественными SNP от аналогичных участков референсных генов *Rpi-blb1* и *R8*. Однако фрагмент NB-ARC домена оказался консервативен в области, кодирующей Ser347, т.е. аминокислоты, которая является ключевой для функционирования белка *Rpi-blb1/RB*, а фрагмент, включающий несколько LLR мотивов гена *R8*, имел традиционную структуру LxxLxLxxN/CxL. Связь с устойчивостью к фитофторозу и универсальное строение исследованных фрагментов позволяют предположить, что устойчивость клона 16/27-09 к фитофторозу обеспечивают функциональные аллели генов *Rpi-R8* и *Rpi-blb1*.

Благодарность: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект №25-46-02027).

СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ОЦЕНКА МИССЕНС-МУТАЦИЙ ГЕНОВ СИМБИОЗА СОИ

Бобров В.А.,¹ * Ткаченко О.В.,¹ Бурыгин Г.Л.^{1,2}

¹Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии имени Н.И. Вавилова, Институт генетики и агрономии, 410012, Россия, Саратов, проспект имени Петра Столыпина, здание 4, строение 3.

²Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, ФИЦ «Саратовский научный центр РАН», 410049, Россия, Саратов, просп. Энтузиастов, 13.

*vladbobrov.bobroff@yandex.ru

Повышение эффективности биологической азотфиксации у сои – ключевой фактор устойчивого земледелия и снижения использования минеральных азотных удобрений. Вариабельность генов, контролирующую формирование бобово-ризобияльного симбиоза, может определять различия в симбиотической эффективности сортов сои, однако функциональное значение многих аминокислотных замен остается недостаточно изученным. Проведен *in silico*-анализ полиморфизма генов симбиотической активности сои, участвующих в формировании бобово-ризобияльного взаимодействия. Использованы данные аннотации 1007 генотипов сои, представленных в базе данных SoyBase с применением инструмента VariantEffectPredictor (VEP). Для 15 ключевых генов симбиотической системы проанализировано распределение вариантов нуклеотидных замен по функциональным категориям, включая upstream-, downstream-, intron-, 5'UTR-, 3'UTR-, synonymous- и missense-варианты. Для генов *NSP1*, *NSP2*, *SYMRK*, *CCaMK*, *RJ2* с миссенс-вариантами замен нуклеотидов построены трехмерные модели референсных последовательностей белков и их аналогов с учетом аминокислотных замен методом AlphaFold. Показано, что часть замен локализуется в структурно значимых областях белков и сопровождается изменением пространственной организации локальных участков. Для отдельных вариантов выявлены изменения ориентации боковых цепей аминокислот, потенциально влияющие на белок-белковые взаимодействия сигнального пути симбиоза. Полученные результаты указывают на функциональную значимость выявленных миссенс-вариантов и их возможную роль в вариабельности симбиотической эффективности сои. Предложенный подход может быть использован для дизайна маркеров и детекции аллелей в селекции сортов сои с повышенной способностью к симбиозу.

ВЛИЯНИЕ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНОКУЛЯЦИИ ПРЕПАРАТОМ УЛЬТРАСТИМ НА ПРОДУКТИВНОСТЬ СОИ В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОЙ ЯКУТИИ

Слепцов Т.С.^{1,2*}, Сеферова И.В.¹, Новикова Л.Ю.¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

²Якутский научно-исследовательский институт сельского хозяйства им. М.Г. Сафронова (ЯНИИСХ), Якутск, Россия

*slepsovtimur00@gmail.com

Предпосевная инокуляция клубеньковыми бактериями является ключевым агроприёмом при введении сои в новые регионы, где почвы лишены специфичных ризобий, обеспечивающих симбиотическую азотфиксацию. Влияние инокуляции на сою в Центральной Якутии ранее не исследовалось. Целью работы явилась оценка эффективности предпосевной инокуляции препаратом Ультрастим (*Bradyrhizobium japonicum*) на нодуляцию и элементы продуктивности сои. Полевой опыт проведён в 2025 г. на Покровском стационаре ЯНИИСХ (61° с.ш.) на 10 образцах сои из коллекции ВИР. Созревания достигли три сорта: Fiskeby V, Светлая и ПЭП2. Нодуляция оценивалась у 5 растений на образец, элементы структуры урожая — у 10 растений; данные анализировались двухфакторным дисперсионным анализом (сорт × обработка). В контроле ни одно растение не имело клубеньков, что подтверждает отсутствие аборигенных *B. japonicum* в почве и необходимость инокуляции. При обработке Ультрастимом клубеньки образовались у 13 из 15 растений (точный тест Фишера, $p < 0,001$). Дисперсионный анализ выявил значимый главный эффект инокуляции для высоты растения ($p = 0,003$), числа бобов ($p = 0,038$), узлов с бобами ($p = 0,049$) и семян на растении ($p = 0,025$). Установлено значимое взаимодействие сорт × обработка для высоты растения ($p = 0,003$) и числа узлов с бобами ($p = 0,041$). Выраженность отклика различалась по сортам: ПЭП2 показал наиболее сильную реакцию (бобов +26%, семян +35%, высота +21%), Светлая — умеренную (бобов +28%, семян +13%), Fiskeby V — нейтральную. Различная отзывчивость сортов при сходной нодуляции может объясняться генотипической спецификой бобово-ризобияльного взаимодействия. Результаты указывают на перспективность предпосевной инокуляции сои для повышения продуктивности в субарктических условиях и целесообразность подбора оптимальных штаммов ризобактерий.

КРИПТИЧЕСКИЕ (НЕСИМБИОТИЧЕСКИЕ) ПЛАЗМИДЫ КЛУБЕНЬКОВЫХ БАКТЕРИЙ КАК ПРИВЛЕКАТЕЛЬНАЯ МИШЕНЬ ДЛЯ ВСТРАИВАНИЯ ФАГОВ

Саксаганская А.С.,* Владимирова М.Е., Козлова А.П., Мунтян В.С., Румянцева М.Л.

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии,
Лаборатория генетики и селекции микроорганизмов, 196608, Россия, Санкт-Петербург,
Пушкин, ш. Подбельского, д. 3.

*allasaksaganskaya@arriam.ru

Клубеньковые бактерии являются типичными представителями почвенного микробиома. Это сапрофитные мезофильные бактерии, способные образовывать азотфиксирующий симбиоз с растениями семейства Бобовые. Бактерии вида *Sinorhizobium meliloti* — симбионты люцерны. Геном *S. meliloti* многокомпонентен и, помимо хромосомы, содержит две мегаплазмиды с генами, ответственными за формирование симбиоза, а также плазмиды меньшего размера, называемые несимбиотическими или криптическими. Показано, что криптические плазмиды встречаются не менее чем у 80% штаммов.

В работе проведён анализ 20 криптических плазмид (размером от 17 до 454 т.п.н.), выявленных в полногеномных последовательностях 12 штаммов *S. meliloti*. Штаммы были выделены в географически удалённых фитоценозах: очаг разнообразия в горном районе Северного Кавказа (относится к генцентру культурных растений) и центр интрогрессивной гибридизации люцерны на северо-западе Казахстана (соотношение штаммов 5:7).

Показано, что подавляющее число криптических плазмид (частота 0,7) содержали последовательности профагов. Всего было выявлено 55 последовательностей, сходных с фагами класса *Caudoviricetes*. В одном геноме встречалось до 11 таких последовательностей, а их размер варьировал более чем в 6 раз (от 5,1 до 33 т.п.н.). Установлены достоверные различия между частотами встречаемости интактных и неполных профагов на плазмидах штаммов из двух фитоценозов ($P < 0,05$).

Высокая частота встречаемости интактных профагов на криптических плазмидах штаммов *S. meliloti* свидетельствует, что эти плазмиды служат важным резервуаром для интеграции умеренных фагов в природных популяциях ризобий. Таким образом, криптические плазмиды могут рассматриваться как привлекательная молекулярная мишень для изучения фаго-бактериальных взаимодействий и эволюции геномов клубеньковых бактерий.

Работа выполнена в рамках проекта РНФ 25-26-00758.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ПОЗИЦИОННЫХ КАНДИДАТНЫХ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ФОРМИРОВАНИЕМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ КОРОВ АЙРШИРСКОЙ ПОРОДЫ

Романова Е.А.* , Тулинова О.В., Сермягин А.А.

Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196601, Россия, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское ш., д.55 а

*splicing86@gmail.com

В рамках развития геномной селекции, как перспективного инструмента генетического улучшения популяций, особую актуальность приобретает выявление генетических маркеров, сопряженных с фенотипическими характеристиками. Выявленные генетические особенности, влияющие на строение и функциональность вымени у коров айрширской породы, позволят повысить эффективность селекционной работы в молочном скотоводстве. Цель работы заключалась в проведении полногеномного ассоциативного анализа (GWAS) для выявления позиционных кандидатных генов, связанных с формированием экстерьера молочной железы коров айрширской породы. В ходе исследования выявлен полиморфизм Harmap56548-rs29026610, локализованный на 27 хромосоме (bp 34138225), ассоциированный с показателями прикрепления задних долей вымени (RUH) и глубиной вымени (UD), располагающийся вблизи *ADAM32* (33,900,738..34,076,024), кодирующий белок из семейства ADAM. Поиск ассоциативных аннотаций с недостатками экстерьера выявил ряд значимых SNP на 1 хромосоме с атрофией долей вымени (AfUL), на 2 и 14 хромосоме с выменем малого объема (SU), на 8 хромосоме со сближенностью задних сосков (CRT), на 25 – с дополнительными сосками (AT) и на 29 хромосоме с косым дном вымени (UUF). Ген *XYLT1* ассоциирован с AT, гены *TRAPPC3L*, *FIG4*, *FAM178B*, *ARRB1*, *ANO3* с тонкими сосками (TT); *UEVLD* с UUF; *SATB1* с AfUL; *TMEM2* с CRT; гены *KLF7*, *UBR5* с SU. Идентификация генетических маркеров и кандидатных генов существенно расширяет представления о молекулярных механизмах, регулирующих формирование экстерьера вымени и, в том числе, его дефектов. Полученные данные закладывают научную основу для последующих молекулярно-генетических исследований, нацеленных на совершенствование экстерьера вымени, и способствуют оптимизации селекционно-племенной работы с айрширским скотом и разработке эффективных схем геномного отбора.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект №25-26-00164 <https://rscf.ru/project/25-26-00164/>

ТЕЗИСЫ ПОСТЕРНЫХ ДОКЛАДОВ

АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА *Rosea1* (R2R3-MYB), КОНТРОЛИРУЮЩЕГО БИОСИНТЕЗ АНТОЦИАНОВ У ЛЬВИНОГО ЗЕВА (*Antirrhinum majus* L.)

Барабанов И.В.*, Васильева М.В., Рахмангулов Р.С.

ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,

*i.barabanov@vir.nw.ru

Рынок декоративных культур в Российской Федерации в основном занят сортами зарубежной селекции. Замещение импорта и ускоренное создание качественных, уникальных и превосходящих зарубежные аналоги сортов возможно с привлечением современных биотехнологических и молекулярно-генетических методов.

Установление причин полиморфизма хозяйственно-ценных признаков – необходимый подготовительный этап для создания растений с заданными характеристиками методами современной селекции. Модельным растением в подобных исследованиях может выступать львиный зев (*Antirrhinum majus* L.), популярный декоративный однолетник.

Значительный интерес при изучении полиморфизма окраски составляют гены, кодирующие транскрипционные факторы, регулирующие путь биосинтеза пигментов. В случае растений с антоциановой окраской, первостепенная задача – изучение полиморфизма генов семейства R2R3-MYB, входящих в состав регуляторного комплекса MBW.

Согласно литературным данным, главным регулятором фенилпропаноидного биосинтетического пути у *A. majus* является транскрипционный фактор *Rosea1*. К кодирующей последовательности гена *Rosea1*, размещенной в базе данных NCBI, сконструированы праймеры. Для анализа аллельных различий подобраны сорта с контрастной окраской венчика.

Для ресеквенирования кодирующей последовательности гена получали кДНК вышеуказанных сортов, затем проводили ПЦР с праймерами к гену *Rosea1* и секвенирующую реакцию. Секвенирование проводили при помощи генетического анализатора Нанофор-05 (ООО «Синтол»). Полученные секвенограммы анализировали с привлечением программного обеспечения UGENE и MEGA11.

Выравнивание полученных последовательностей с референсной показывает отсутствие значимых различий – у обоих образцов имеет место синонимичная замена «G» на «A» в третьей позиции 71-ого триплета. Указанный кодон в обоих случаях кодирует аминокислоту валин. Важно отметить, что ресеквенированные последовательности контрастных по окраске венчика сортов идентичны друг другу. Полученные данные позволяют сделать предположение о том, что причины полиморфизма исследуемого признака, вероятно, ассоциированы с различиями в строении других генов.

Благодарности: Статья подготовлена в рамках государственного задания (№ FGEM-2025-0008 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур»).

РЕЗУЛЬТАТЫ ПРИМЕНЕНИЯ ЦЕЛЕВОЙ ПРОГРАММЫ ДИАГНОСТИКИ ДИСГЕНЕЗОВ ПЕРЕДНЕГО ОТРЕЗКА ГЛАЗА В ФГБНУ «МГНЦ»

Васильева Т.А.*, Кривенцова-Жмурова А.А., Кадышев В.В., Кузнецова С.В.,
Марахонов А.В., Зинченко Р.А.

ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова», лаборатория
генетической эпидемиологии, 115522, Россия, Москва, ул. Москворечье, д. 1.

*vasilyeva_debrie@mail.ru

В ФГБНУ «МГНЦ» разработаны и применяются научные программы диагностики двух с половиной десятков различных наследственных заболеваний, в том числе, четыре программы диагностики наследственных заболеваний с преимущественным поражением органа зрения. В течение последнего года программа диагностики врожденной аниридии (ВА) и синдрома WAGR расширена и включает также врожденные дисгенезы переднего отрезка глаза (ДПОГ). ДПОГ включают группы дисгенезов (ORPHA:88632) и отдельные патологии, при которых нарушено эмбриональное развитие переднего сегмента, строение и функция его структур: роговицы, хрусталика, радужки, передней камеры, – примерно, в 50% случаев может развиваться вторичная глаукома, приводящая к слепоте и инвалидности. Несколько десятков генов связаны с развитием ДПОГ.

Всего за год существования расширенной программы диагностики ВА и ДПОГ обратились 37 неродственных семей. Проведено исследование крупных хромосомных перестроек методом MLPA, анализ полного экзона или полного генома методом ВПС.

Самые частые обращения – семьи с ВА и/или синдромом WAGR. С ВА обратились 24 семьи, в том числе, одна с синдромом WAGR, подтверждены 18, в том числе, с синдромом WAGR. Найдены гетерозиготные варианты/делеции гена PAX6.

Шесть случаев ВА не ассоциированы с геном PAX6. Предположены новые диагнозы: (1) синдром Вейла-Марчезани (найден гетерозиготный вариант в гене FBN1), (2) колобома ЗН (MAB21L1), (3) синдром Гиллеспи (ITPR1), (4) синдром CHARGE (CHD7). В двух семьях причина ВА не выявлена.

Среди дисгенезов переднего отрезка глаза (8 семей), самым частым диагнозом оказался синдром Аксенфельда-Ригера: в 4 случаях найдены гетерозиготные варианты/делеции в генах FOXC1, PITX2, остальные 4 случая пока не подтверждены.

Среди других обращений – пациенты с входящими диагнозами микрофтальмия, птоз, блефарофимоз, аномалия Петерса, глазная колобома, септооптическая дисплазия, гипоплазия ЗН, – пока не подтверждены.

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России для ФГБНУ «МГНЦ».

ГОСУДАРСТВЕННАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ФИТОПАТОГЕННЫХ КАРАНТИННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ ФГБУ «ВНИИКР» (ГКФКМ)

Гарибян Ц.С., Соловьев А.А.

ФГБУ «Всероссийский центр карантина растений», Быково, Россия

tsovinar1980@mail.ru

Коллекционная деятельность является деятельностью по обеспечению биологической безопасности и осуществляется путем создания, пополнения, ведения и использования коллекций фитопатогенных микроорганизмов и вирусов и включает в себя сбор, идентификацию, паспортизацию, хранение, учет, изучение и использование фитопатогенных микроорганизмов и вирусов. Данная деятельность направлена на обеспечение проведения научно-исследовательских, опытно-конструкторских и технологических работ в области разработки и производства средств диагностики, создание и пополнение интерактивного каталога (базы данных) фитопатогенных микроорганизмов и вирусов, решение задач эпифитотиологии с определением происхождения и территориальной приуроченности вновь выявляемых штаммов, депонирование штаммов.

По степени опасности сохраняемых возбудителей и объему коллекционного фонда ГКФКМ относится ко второй категории и является фондом штаммов фитопатогенных микроорганизмов и вирусов, который формируется по признакам происхождения, способу воздействия на растения и поддерживается в жизнеспособном состоянии с контролем сохранения исходных характеристик штаммов фитопатогенных микроорганизмов и вирусов.

Уникальность ГКФКМ определяется карантинным характером единиц хранения, включенных в «Единый перечень карантинных объектов Евразийского экономического союза», что требует специальных процедур по обеспечению биологической безопасности, биологической защиты, а также физической защиты коллекций от несанкционированного доступа.

Основными задачами ГКФКМ являются создание, пополнение, ведение и использование коллекций фитопатогенных карантинных микроорганизмов и вирусов, в том числе сбор, идентификация, паспортизация, хранение, учет, изучение и использование фитопатогенных карантинных микроорганизмов и вирусов, с обеспечением биологической безопасности.

По состоянию на 1 апреля 2026 года коллекционный фонд ГКФКМ включает всего 461 штаммов фитопатогенных карантинных микроорганизмов и вирусов, из них 333 штаммов бактерий, 69 штаммов вирусов и виридов, 59 штаммов грибов.

РАЗНООБРАЗИЕ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ В СЕМЕНАХ АДЗУКИ (*VIGNA ANGULARIS* (WILD.) OHWI&OHASHI) ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Демидова Е.Н.,* Соловьева А.Е., Бурляева М.О.

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова» (ВИР), 190031 Санкт-Петербург, ул. Большая Морская,

42

*chery20.92@mail.ru

Vigna angularis – одна из древнейших одомашненных культур, возделываемая более чем в 30 странах в основном для пищевых и медицинских целей. Адзуки играет важную роль в рационе питания людей в Восточной Азии. В Японии, Корее и Китае из семян готовят множество популярных диетических продуктов, которые отличаются высокими нутрицевтическими свойствами. Семена являются источником высокого содержания белка, углеводов, витаминов, незаменимых жирных кислот, клетчатки, минералов (особенно кальция и железа) и полифенолов. Существующие исследования питательных и полезных для здоровья свойств адзуки не охватывают все разнообразие сортов, возделываемых в мире. В коллекции ВИР хранится более 260 образцов из 11 стран. Учитывая успешный опыт выращивания адзуки на юге Дальнего Востока нами начато изучение образцов из коллекции ВИР по содержанию в семенах ряда биологически активных веществ (БАВ) для выявления генотипов, отличающихся наибольшей питательной ценностью, для использования в селекционных программах России. Результаты анализа показали значительное варьирование изученных показателей у разных образцов. Наибольшее содержание антоцианов (мг/100г) выявлено у образцов из Туркменистана (152,38), Китая (138,87; 157,91), России (112,75), Японии (109,50); флаваноилов (мг/100г) – из Китая (724,85; 738,48), России (796,44; 797,81; 349,66); фенольных соединений (мг/100г) – из Туркменистана (311,62), России (422,75), Японии (329,97; 371,09). Самая высокая антиоксидантная активность (мг/100г) наблюдалась у образцов из России (43,67; 50,49), Японии (53,28; 66,48; 42,75; 48,24). Содержание антоцианов и их антиоксидантная активность были достоверно выше у образцов с черными и красными семенами, чем у сортов с бежевой окраской. Исследование образцов адзуки из коллекции ВИР подтвердило высокое содержание БАВ в семенах *V. angularis* и значительный потенциал культуры для использования в качестве функционального продукта питания для укрепления здоровья, профилактики заболеваний и нормальной жизнедеятельности человека.

УЧАСТИЕ YB-1 В РЕГУЛЯЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ

Дорохович В.А.^{1,2*}, Шувалов А.В.¹, Лябин Д.Н.³, Алкалаева Е.З.¹

¹Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, 119991, Россия, Москва, ул. Вавилова, д.32.

²Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Физтех-школа биологической и медицинской физики, 117303, Россия, Москва, ул. Керченская, д.1а к.1.

³Институт белка РАН, 142290, Россия, Пущино, ул. Институтская, д. 4.

*dorokhovich.va@phystech.edu

Активное долголетие напрямую зависит от поддержания клеточного гомеостаза. Y-бокс-связывающий белок 1 (YB-1) является многофункциональным регулятором гомеостаза: участвует в ответе на стресс, пролиферации, апоптозе, транскрипции и репарации ДНК, а также регулирует стабильность и эффективность трансляции мРНК, образуя мессенджерные рибонуклеопротеиновые комплексы (мРНКП). YB-1 в низких концентрациях стимулирует, а в высоких – ингибирует инициацию трансляции, однако его роль на стадиях элонгации и терминации не изучена. Также остается неясным, связывается ли YB-1 непосредственно с рибосомами или опосредованно через мРНК. Однако, в стареющих клетках и тканях наблюдается значительное снижение уровня YB-1 в полирибосомах, что указывает на функциональную связь этого белка с трансляционным аппаратом при старении.

В настоящей работе с помощью вестерн-блот анализа лизатов клеток HeLa, рибосом и рибосомных субъединиц, полученных ультрацентрифугированием в градиенте сахарозы, мы обнаружили, что YB-1 ассоциирован непосредственно с 40S субъединицами рибосом. При этом фосфорилированный YB-1 с рибосомами не связывается.

С помощью метода Termiluc мы показали, что в низких концентрациях YB-1, как и его фосфомиметик (мутант YB-1 S(102,209)D), незначительно стимулируют терминацию трансляции, тогда как в высоких концентрациях они существенно подавляют этот процесс.

Так, мы впервые показали, что YB-1 напрямую связывается с рибосомами через малую субъединицу, и это взаимодействие регулируется фосфорилированием. Поскольку при старении уровень YB-1 в полирибосомах снижается, нарушение дозозависимого контроля терминации может способствовать протеотоксическому стрессу и возрастному ухудшению гомеостаза – ключевому условию активного долголетия.

ЭФФЕКТИВНОСТЬ ISSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ТРАВЯНИСТЫХ ПИОНОВ (*PAEONIA* L.) КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Иванов А.А., Васильева М.В., Рахмангулов Р.С.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

a.ivanov@vir.nw.ru

Коллекции научных институтов являются ценными источниками генетического материала с целью интенсификации селекционных программ. Для оценки уровня генетических связей и определения наиболее ценных образцов применяются различные маркерные системы. В данной работе на базе коллекции пионов ВИР была проведена оценка эффективности ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) маркеров. В исследование было вовлечено 155 генотипов пионов, включающих в себя 153 сорта и 2 диких вида. Путем апробации на группе сортов пионов коллекции ВИР отобрано 8 наиболее полиморфных ISSR-маркеров: ISSR-873; ISSR-847; ISSR-844; ISSR-841; ISSR-835; ISSR-825; ISSR-824; ISSR-811. В результате проведенной работы с 8 ISSR маркерами, было обнаружено в общей сложности 198 бэндов, которые варьировались от 15 (для ISSR 841) до 26 (для ISSR 873). Среднее значение P составило 56,6% и варьировалось от 48,4% (для ISSR 811) до 76,7 (для ISSR 841). Также обнаружено среднее значение PI_C , равное 0,32, с максимальным значением 0,329 для ISSR-825. Средняя дискриминирующая способность (D) составила 0,92%, а средний индекс генетического разнообразия $H = 0,41$, при этом наблюдалось 1% мономорфных полос. Таким образом, были получены умеренные показатели уровня полиморфизма, составляющий для ISSR маркеров 56,6%. Среднее значение PI_C -0,32 и средняя дискриминационная способность маркеров D -0,92 указывает на их высокую применимость и эффективность для оценки уровня генетического разнообразия представителей рода *Paеonia* L. В рамках данной работы проведен анализ популяционной структуры и построена дендрограмма филогенетических отношений, которые показали высокий уровень генетического смешения сортов травянистого пиона в коллекции. Результаты исследования имеют важное значение в дальнейшем изучении отечественных коллекций пионов и показывают необходимость привлечения природных видов для межвидовой гибридизации и увеличения генетического разнообразия.

Благодарности. Тезисы подготовлены в рамках государственного задания ВИР согласно тематическому плану НИР по теме № FGEM-2025-008 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур».

СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ ОЦИФРОВКИ ОРНИТОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ РОССИИ

Калякин М.В.

Московский Государственный университет имени М.В. Ломоносова, Научно-исследовательский Зоологический музей, 125009, Россия, Москва, ул. Б. Никитская, д. 2.

kalyakin@zmmu.msu.ru

Орнитологические коллекции в стране и в мире представлены в первую очередь сухими экспонатами шкурок, которым придана «лежачая» поза за счёт наполнения ватой или сходным материалом (тушки), или естественная поза (чучела). Сохраняются также скелеты, целые экземпляры или дериваты во влажном хранении (в основном в формалине, реже в спирте), кладки и гнёзда, отдельные крылья, перья, а в последние десятилетия пробы тканей для выделения ДНК или выделенная ДНК. В России такие коллекции аккумулированы в первую очередь в двух главных хранилищах – в Зоологическом институте РАН (С.-Петербург) и в Зоологическом музее МГУ имени М.В. Ломоносова (Москва). Объёмы их близки, вместе это примерно 350 тыс. экземпляров / единиц хранения, что составляет не менее 60–70 % общего объёма орнитологических коллекций страны. Они в полной степени отражают генетическое разнообразие отечественной авифауны и продолжают пополняться. Возможности использования сохраняемого массива данных в генетических исследованиях в последние годы принципиально расширились в связи с появлением в указанных организациях лабораторий, работающих с исторической ДНК. Помимо наличия финансовых и организационных условий для их использования зависит также от информационной составляющей, а именно – от полной каталогизации орнитологических коллекций России. Опыт работы сектора орнитологии Зоологического музея МГУ, завершившего примерно за 10 лет электронную каталогизацию имеющихся в его распоряжении материалов, позволяет в настоящее время оптимизировать эту работу, учесть имеющиеся на этом пути трудности и проблемы и за счёт создания консорциума хранителей орнитологических коллекций страны перейти к их полной электронной каталогизации. Последняя, в идеале, предусматривает верификацию определения видовой/подвидовой принадлежности хранимых материалов и максимально возможное уточнение точек сбора и использование единого формата описания единиц хранения.

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ
МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ЛУКА (*A. CEPA* × *A. FISTULOSUM*),
УСТАНОВЛЕННЫЕ В РЕЗУЛЬТАТЕ ЦИТОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ**

Кан Л.Ю.*, Ермолаев А.С., Широкова А.В., Домблдес А.С.

ФГБНУ Федеральный научный центр овощеводства, Лаборатория молекулярной генетики и
цитологии, 143072, Россия, Московская область, Одинцовский район, п. ВНИИССОК, ул.
Селекционная, д. 14

*loyus@mail.ru

В решении проблемы повышения устойчивости сельскохозяйственных культур к болезням, приоритетное значение принадлежит межвидовой гибридизации, позволяющей значительно обогащать генофонд культурных растений и способствующей формообразовательному процессу, при котором возникают генотипы, с уникальным сочетанием селекционно-ценных признаков.

Коллекция межвидовых гибридов (МВГ) комбинации скрещивания между диплоидными ($2n=2x=16$) видами *Allium cepa* L. и *A. fistulosum* L. насчитывает 52 образца, в том числе формы от беккроссирования ($BC_1 F_5$; $BC_2 F_5$) и инбридинга (I_1). Для них характерны значительные генетические отличия, возникшие в результате большого числа рекомбинаций в геноме.

Для отбора перспективных форм МВГ была проведена оценка плоидности 33 образцов различными методами, определена семенная продуктивность и выявлены причины её нарушения. Прямой подсчёт числа хромосом в клетках на стадии метафазы проводили пропионо-лакмоидным методом цитологического анализа, путём приготовления давленных препаратов корневой меристемы. Методом проточной цитометрии подтверждали плоидность образцов. Данные флюоресценции изолированных ядер детектировали при помощи проточного цитометра Beckman Coulter CytoFLEX (Beckman Coulter). Фертильность и жизнеспособность пыльцы определяли путём окрашивания ацетокармином и проращивания на питательной среде. Для выявления особенностей пыльцевых зерен МВГ использовали сканирующий электронный микроскоп JEOL, JSM-6380LA (Япония).

В результате исследований выявлены новые генотипы гибридной комбинации *A. cepa* × *A. fistulosum*, обладающие диплоидным, триплоидным, тетраплоидным уровнями плоидности. Обнаружено, что отсутствие завязываемости семян у двух форм обусловлено анеуплоидией, их клетки содержат разное число хромосом ($2n < 32$), хотя по данным цитометрии, плоидность была сбалансированной ($2n$, $4n$). Оба метода определения уровня плоидности, взаимно дополняют друг друга, усиливая информацию о генетической природе конкретных образцов. Пыльники тетраплоидных форм с высокой семенной продуктивностью отличались низким содержанием деформированных пыльцевых зерен, выравненностью по форме и размерам.

ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕРБАРНОЙ КОЛЛЕКЦИИ ОБРАЗЦОВ ВИКИ (VICIA L.) С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ

Карпова Н.С., Александрова Т.Г., Таловина Г.В., Швачко Н.А., Семилет Т.В.,
Вишнякова М.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская 42, 44.

n.karpova@vir.nw.ru

В начале XXI века ученые получили в свое распоряжение уникальный по точности и удобству инструмент – ДНК-штрихкодирование, позволяющий идентифицировать виды на основе отдельных фрагментов ДНК организма. Для получения штрихкода растений используют короткую и универсальную нуклеотидную последовательность, в основном пластидных генов *rbcL*, *matK*.

Целью нашей работы был анализ потенциала использования ДНК-штрихкодирования для изучения гербарной коллекции *Vicia L.*

В Гербарии культурных растений мира, их диких родичей и сорных растений [WIR] из гербарных сборов 1920–2015 гг. у одиннадцати образцов видов двух секций *Hurechusa* и *Peregrinae* рода *Vicia L.*, были взяты 182 пробы – фрагменты сухой ткани (листья).

Тотальную ДНК выделили набором DiamondDNA из 32 гербарных проб пяти видов вики (*Vicia anatolica* Turrill, *V. ciliatula* Lipsky, *V. hyrcanica* Fischer&C. Meyer, *V. michauxii* Sprengel, *V. peregrina L.*). Концентрацию ДНК измеряли посредством наноспектрофотометрии на приборе NanoPhotometer NanoDrop (Implen, Germany). Полученные показатели концентрации ДНК варьировали у 24 гербарных проб от 62,8 нг/мл до 268,5 нг/мл, у трех проб от 5,2 до 29,8 нг/мл и пять проб не дали результата.

С семью пробами ДНК вышеупомянутых видов была проведена ПЦР с использованием праймеров к участку гена *rbcL*. Визуализация результатов ПЦР показала, что два образца, имеющие низкую концентрацию ДНК (5,2 и 29,8 нг/мл), не амплифицировались. Пять образцов, проанализированных четырех видов *Vicia*, имели ожидаемую длину фрагментов ДНК – около 500 п.н., что позволяет использовать их для штрихкодирования.

СОВРЕМЕННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ БИОМОНИТОРИНГА ПОВЕРХНОСТНЫХ ВОД - ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ NGS ПОДХОДОВ (НА ПРИМЕРЕ МИКРОВОДОРОСЛЕЙ)

Кезля Е.М.^{*}, Куликовский М.С.

Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Лаборатория молекулярной систематики водных растений, 127276, Россия, Москва, Ботаническая ул., 35

^{*}melosira@mail.ru

Изменение климата и увеличение антропогенной нагрузки оказывает сильное воздействие на биоту поверхностных вод. Микроводоросли и цианобактерии являются начальным звеном пищевой цепи, они быстро реагируют на изменения условий окружающей среды, и тем самым оказывают непосредственное влияние на весь биогидроценоз. Актуальной проблемой является увеличение частоты вредных цветений микроводорослей и цианобактерий. Поэтому в настоящее время необходимо развитие точных и эффективных технологий биомониторинга. Современные подходы секвенирования нового поколения (NGS) позволяют быстро и эффективно проводить оценку состояния водных экосистем. Основой для достоверной интерпретации данных NGS являются базы данных референсных нуклеотидных последовательностей.

Несмотря на доказанную эффективность применения NGS для биомониторинга для остается ряд вопросов, требующих фундаментального изучения. Универсальные генетические маркеры не всегда дают разрешение на уровне вида или рода, что может привести к недооценке видового разнообразия. В случае широко-распространенных криптических таксонов необходимо изучение распространения филотипов и их привязка к экологическим факторам. Для оценки распространения и развития токсичных видов при помощи NGS необходима привязка молекулярного штрих-кода и способности к продукции токсинов. Как показывают современные исследования не всегда молекулярный штрих-код (включая оценку экспрессии генов синтеза токсинов) обеспечивает точные данные о токсичности вида. Необходимо пополнение баз данных правильно идентифицированными и хорошо задокументированными референсными последовательностями, что до сих пор остается трудоемким и дорогостоящим этапом т.к. требует получения моноклональных штаммов. Соединение накопленных знаний о разнообразии микроводорослей и цианобактерий с молекулярными данными является фундаментальной основой для перехода рутинного биомониторинга на новый технологический уровень.

Работа выполнена за счет гранта РНФ №24-44-04006, <https://rscf.ru/project/24-44-04006/>.

ХАРАКТЕРИСТИКА ИНТРОДУЦИРОВАННОГО МАТЕРИАЛА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ГРИБНЫМ БОЛЕЗНЯМ

Коваленко Т.В.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Отдел интродукции, 190000, Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44.

tv.kovalenko@vir.nw.ru

Поражение посевов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) грибными болезнями приводит к значительному снижению ее урожайности и качества зерна. В настоящее время для борьбы с болезнями разработан ряд мероприятий, важная роль среди которых отводится созданию и внедрению в производство резистентных сортов. Для этого необходимо наличие разнообразного исходного материала, источником которого могут стать интродуцированные в коллекцию Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова образцы *T. aestivum*.

Цель работы – изучить ювенильную и возрастную устойчивость образцов мягкой пшеницы, интродуцированных в коллекцию ВИР, к листовой ржавчине (возбудитель – *Puccinia tritica* Erikss.) и темно-бурой листовой пятнистости (*Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shoemaker).

Материал исследования включал 100 линий мягкой пшеницы происхождением из четырех регионов России.

Устойчивость изучали при заражении возбудителями болезней проростков образцов в лабораторных условиях и флаг-листьев в поле. Для заражения использовали пушкинскую популяцию *P. tritica*, высокоагрессивный штамм «Т» *B. sorokiniana*.

Все изученные линии *T. aestivum* из Дагестана были восприимчивы к листовой ржавчине и темно-бурой листовой пятнистости в условиях лаборатории.

Все линии из Омска, Самары и Саратова были восприимчивы к темно-бурой листовой пятнистости, как в лабораторных, так и полевых экспериментах. Среди линий из этих трех регионов были выделены образцы, устойчивые к *P. tritica* при заражении ювенильных растений в лаборатории и флаг-листьев в поле.

Таким образом, были выделены образцы мягкой пшеницы, характеризующиеся высоким уровнем устойчивости к пушкинской популяции листовой ржавчины.

Благодарности: Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по теме № FGEM-2022-0009 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для развития оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве».

ОЦЕНКА БИОРАЗНООБРАЗИЯ ЗАКВАСОК ДЛЯ ХЛЕБОПЕКАРНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Локачук М.Н.,^{1*} Савкина О.А.¹, Мартиросян В.В.²

¹Санкт-Петербургский филиал ФГАНУ НИИ хлебопекарной промышленности; 196608, Россия, г. Санкт-Петербург, г. Пушкин, шоссе Подбельского, д.7, литера А

²ФГАНУ НИИ хлебопекарной промышленности; 107553, Россия, г. Москва, Большая Черкизовская ул., дом 26-А

*m.lokachuk@gosniihp.ru

Закваски для хлебопекарной промышленности представляют симбиоз молочнокислых бактерий и дрожжей, метаболиты которых влияют на физико-химические и органолептические показатели качества хлеба. Несмотря на значительное количество исследований, направленных на изучение микробиома зарубежных заквасок, данные о биоразнообразии российских заквасок остаются фрагментарными вследствие применения культуральных методов, не позволяющих выявлять минорные и некультивируемые микроорганизмы. Целью исследований являлось изучение биоразнообразия бактериальных сообществ 19 заквасок, поддерживаемых в условиях пекарен и частных домохозяйств, с целью выделения штаммов заквасочных микроорганизмов для пополнения фонда государственной коллекции «Молочнокислые бактерии и дрожжи для хлебопекарной промышленности» ФГАНУ НИИХП. Таксономический состав микробиома определяли с помощью нанопорового секвенирования, представленного платформой Oxford Nanopore Technologies, на базе ЦКП "Геномика, протеомика, метаболомика" (ФГБУ ФНКЦ ФХМ им. Ю.М. Лопухина ФМБА России). Оценку альфа-разнообразия микробиома проводили с использованием индекса Шеннона. Лактобациллы вида *Fructilactobacillus sanfranciscensis* были определены как «доминантные» бактерии (56,7-100,0%). В 2-х образцах обнаружен вид *Companilactobacillus paralimentarius* (10,0 и 23,7%). В пшеничной индустриальной закваске детектированы *Fructilactobacillus sanfranciscensis* (56,8%), *Limosilactobacillus pontis* (25,8%), *Lactobacillus helveticus* (16,8%). Индекс Шеннона варьировал от 0 до 1,0, что свидетельствует о низком бактериальном разнообразии. Из исследуемых заквасок в 2025 г были выделены 24 изолята лактобацилл, исследованы их морфологические, культуральные и биотехнологические свойства. Методом секвенирования фрагмента гена 16S рРНК установлено, что 20 изолятов могут быть отнесены к виду *Fructilactobacillus sanfranciscensis*. В результате проведенных исследований коллекционный фонд пополнен 24 технологически ценными штаммами молочнокислых бактерий, которые являются перспективными для дальнейшей разработки микробных консорциумов для приготовления заквасок, что позволит расширить ассортимент отечественных стартовых микробных композиций и обеспечить импортонезависимость хлебопекарной отрасли РФ.

Исследование выполнено в рамках выполнения гос. задания №1025013100006-7-4.4.1.

ИЗМЕНЕНИЯ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА В ПАХОТНЫХ ПОЧВАХ КРИОЛИТОЗОНЫ В СВЯЗИ С ПЕРЕХОДОМ ИХ В ЗАЛЕЖНОЕ СОСТОЯНИЕ (НА ПРИМЕРЕ ЯМАЛО-НЕНЕЦКОГО АВТОНОМНОГО ОКРУГА)

Ма Цзялу^{1*}, Абакумов Е.В.^{1,2}, Низамутдинов Т.И.¹, Сиджонг Янг³, Ксядонг Ву³

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра прикладной экологии, Санкт-Петербург, Россия.

²Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург–Пушкин

³Северо-Западный институт экологии и природных ресурсов, Ланьчжоу, Китай

* st135156@student.spbu.ru

Заброшенные сельскохозяйственные угодья широко распространены в высокоширотных регионах Земли, однако влияние аграрного освоения на почвенные микробные сообщества криолитозоны изучено недостаточно. В настоящем исследовании для анализа сукцессии почвенных микробных сообществ была использована хроносерия залежных почв Ямало-Ненецкого автономного округа, охватывающая период от 0 до 25 лет после прекращения сельскохозяйственного использования, в качестве фона использовали данные о таксономическом составе микробиома не нарушенных почв (подзолов). Физико-химические свойства почв исследовали стандартными методами, состав и функциональные изменения микробных сообществ оценивали с использованием секвенирования гена 16S рРНК, многомерного статистического анализа и функционального прогнозирования.

Результаты показали, что в зрелых почвах ключевым фактором вариации состава микробных сообществ было содержание органического углерода, тогда как в агрогенных и залежных почвах основное влияние на структуру сообществ оказывало содержание доступных питательных элементов. Прекращение сельскохозяйственного использования сдерживало минерализацию органического вещества. Среди доминирующих филумов преобладали Proteobacteria, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Bacteroidota и Actinobacteriota, тогда как относительная численность других таксонов заметно различалась между стадиями землепользования. Агрогенные почвы характеризовались преобладанием копиотрофных микроорганизмов, тогда как в залежных почвах по мере восстановления сообщества смещались в сторону олиготрофных групп с возрастанием представленности таксонов, связанных с разложением сложных углеродных субстратов.

Функциональный анализ показал, что функции углеродного и фосфорного циклов характеризуются функциональной избыточностью и могут выполняться различными микробными сообществами. Напротив, функции азотного цикла в большей степени зависят от структуры микробного сообщества. Переход в залежное состояние способствовал увеличению количества генов связанных с микробным метаболизмом углерода. Однако даже через 25 лет состав микробных сообществ и функциональный потенциал не достигли уровня зрелых подзолов, что указывает на долговременное влияние аграрного использования и подчёркивает важность микробиологических показателей восстановления земель.

Работа выполнена при поддержке РФФ, грант 24-44-00006

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ ГЕННОГО БАНКА В БЕЛАРУСИ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ

Матыс И.С., Маркевич И.М.

Республиканское унитарное предприятие «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по земледелию», отдел генетических ресурсов растений, 222160, Беларусь, Минская обл., Жодино, ул. Тимирязева, 1

belgenbank@izis.by

Генетические ресурсы растений для Республики Беларусь являются стратегическим ресурсом, необходимым для создания высокоэффективных отечественных сортов и гибридов, а их сохранение является основой продовольственной безопасности.

В 20 годы прошлого века в Беларуси под руководством Всесоюзного НИИ растениеводства им. Н.И. Вавилова проводилась работа по изучению генетических ресурсов растений. На протяжении 20 лет (1972-1992 гг.) в Белорусском НИИ земледелия успешно функционировал филиал ВИРа по зерновым растениям. В 2000 году сформированная в стране государственная программа «Генофонд растений» стала основой для сбора, изучения и использования генетических ресурсов растений. Благодаря эффективной работе в заданном направлении впервые в Республике Беларусь были сформированы коллекции по значимым полевым сельскохозяйственным растениям и, как результат, создан Национальный банк семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», который включен в Государственный реестр научных объектов, составляющих национальное достояние Республики Беларусь. Коллекционный фонд ресурсов растений, сохраняемый в генном банке, насчитывает более 55,7 тысяч образцов 393 рода, 753 вида, включает ресурсы растений: зерновых, зернобобовых, крупяных, кормовых, масличных, технических, овощных, лекарственных, пряноароматических растений; в их состав входят: селекционные сорта, гибриды, сортообразцы, генетические линии, местные, стародавние сорта, дикие родичи природных популяций растений. За прошедшие 25 лет обеспечено участие страны в деятельности международной сети по генетическим ресурсам растений. Налажена работа по обмену генофондом и информацией. Коллекции генного банка активно используются как источники признаков для создания новых высокоэффективных отечественных сортов и гибридов сельскохозяйственных растений. За период 2000-2025 годы с использованием генофонда коллекций в РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» созданы и включены 520 сортов в Государственный реестр сортов РБ, в Государственный реестр РФ – 56.

***IN SILICO* АНАЛИЗ ГЕНА *FaMYB5*, РЕГУЛИРУЮЩЕГО СИНТЕЗ ЛИМОННОЙ КИСЛОТЫ В ПЛОДАХ ЗЕМЛЯНИКИ**

Межина К.М.,* Крылова Е.А., Тихонова Н.Г.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, 190000, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д.42-44

*k.mezhina@vir.nw.ru

Земляника садовая (*Fragaria×ananassa* Duch.) является одной из важнейших коммерческих культур, возделываемых по всему миру. Плоды земляники богаты витаминами и антиоксидантами, употребляются в пищу как в свежем, так и в переработанном виде. Основное внимание при выборе плодов потребителями уделяется таким показателям, как вкус и аромат. Однако, большинство современных коммерческих сортов, обладающих высокой урожайностью и транспортабельностью, имеют посредственный вкус.

Одним из важнейших факторов вкуса является сахарно-кислотный индекс, представляющий собой соотношение сахаров и кислот в плодах. Основными кислотами являются яблочная и лимонная, образующиеся в цикле трикарбоновых кислот. Согласно литературным данным, в метаболизме лимонной кислоты предположительно участвует фактор транскрипции *FaMYB5*, что позволяет рассматривать его в качестве гена-мишени для геномного редактирования. Цель исследования – анализ структурной организации гена *FaMYB5*.

В базе данных NCBI найдена аминокислотная последовательность - XP_004295005.1, с помощью алгоритма BLAST в геномной базе данных Phytozome найдены 4 высокоомологичные копии гена, которые располагаются в хромосоме 3. Копии имеют схожую экзон-интронную структуру, но различаются по размерам последовательностей (2215-2590 п.н.), отмечены однонуклеотидные замены. В результате аннотации функциональных доменов белков в базе данных SMART было идентифицировано два домена – SANT. Моделирование 3D-структур белков с использованием онлайн ресурса SWISSMODEL не выявило различий.

Идентификация и анализ копий гена-мишени *FaMYB5* позволит, используя геномное редактирование, быстро и эффективно создать сорта с улучшенными вкусовыми качествами. Результаты проведенного *in silico* анализа необходимы для последующего подбора эффективных нРНК с целью последующего редактирования выбранного гена-мишени. Данный анализ позволил оценить количество копий гена интереса в геноме земляники, определить их размер, выявить однонуклеотидные замены в последовательностях и определить расположение белкового домена для конструирования праймеров, с целью ресеквенирования аллелей гена-мишени.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM-2025-0008 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур»

МОЛЕКУЛЯРНОЕ МАРКИРОВАНИЕ S-ЛОКУСА САМОНЕСОВМЕСТИМОСТИ У РЕГЕНЕРАНТОВ КАПУСТЫ, ПОЛУЧЕННЫХ В КУЛЬТУРЕ МИКРОСПОР

IN VITRO

Минейкина А.И.,* Домблидес А.С., Бондарева Л.Л., Домблидес Е.А.

ФГБНУ Федеральный научный центр овощеводства, 143080, Московская обл., Одинцовский городской округ, поселок ВНИИССОК, ул. Селекционная, д. 14

*anna-batmanova@mail.ru

Современная селекция овощных представителей семейства *Brassicaceae* ориентирована на создание высокопродуктивных F₁ гибридов, селекционный процесс которых практически сводится к выведению родительских линий, скрещиванием которых получают F₁ гибридные семена. ДН-технология представляет собой метод быстрого получения гомозиготных линий (удвоенных гаплоидов), позволяющий сократить продолжительность процесса селекции на годы. Полученные гомозиготные ДН-линии должны быть обязательно протестированы на самонесовместимость (SI–Self-incompatibility) или самосовместимость (SC–Self-compatibility) перед включением в селекционный процесс, поскольку от этого зависит их ценность как родительских компонентов для F₁ гибридов. SI является одной из наиболее важных систем, используемых цветковыми растениями для предотвращения самоопыления и, таким образом, создания и поддержания генетического разнообразия внутри вида. Система SI у *Brassicaceae* спорофитно контролируется одним полиморфным S-локусом, представленным более чем 50 гаплотипами.

Цель работы – исследование регенерантов капусты белокочанной, полученных в культуре изолированных микроспор *in vitro* с использованием молекулярного маркирования S-локуса. В рамках этого решались следующие задачи: усовершенствовать методы раннего молекулярного отбора растений с SI/SC, а также впервые проанализировать аллельную вариабельность генов самонесовместимости в удвоенных гаплоидах.

Нами была проведена сравнительная оценка эффективности различных пар праймеров для молекулярного генотипирования S-гаплотипов у регенерантов капусты белокочанной, полученных в культуре микроспор *in vitro*. Наиболее перспективной и надежной для скринингового анализа показала себя универсальная пара праймеров DF/DR (Tian L. et.al., 2013). Она позволила точно идентифицировать гаплотипы для всех исследуемых регенерантов. Расшифровку полученных фрагментов ПЦР проводили методами Сэнгера и нанопорового секвенирования, что позволило точно идентифицировать S-гаплотипы изученных линий: S12, S13, S15.

Таким образом, ДН-технология эффективна для быстрой стабилизации гомозиготных линий, однако требует дополнительного внимания к мониторингу генетического разнообразия и контролю сохраняемых аллелей.

ТЕХНОЛОГИИ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА ПРИ БИОБАНКИРОВАНИИ ОПУХОЛЕВЫХ ОБРАЗЦОВ

Миниахметова А.И., Великомолова Ю.Б.

ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Минздрава России

aliya.akhmetshina.99@bk.ru

Многопрофильный биобанк функционирует на базе ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России с 2020 года и является членом Национальной ассоциации биобанков и специалистов по биобанкированию (НАСБио). В 2022 году биобанк стал структурным подразделением Института урологии и клинической онкологии, поэтому основным направлением работы нашего биобанка является сбор образцов от пациентов с раком простаты, инвазивного рака мочевого пузыря и мелкоклеточного рака почки.

Деятельность биобанка БГМУ осуществляется в строгом соответствии с международными рекомендациями ISBER, российским законодательством и этическими нормами, контролируемые этическим комитетом университета.

Биологические коллекции Биобанка БГМУ насчитывают более 10000 биообразцов, включающих образцы тканей, крови и ее компонентов, ДНК, РНК, других биологических жидкостей.

Все образцы, хранящиеся в биобанке деперсонализированы, используется система штрих-кодирования - поступившему биоматериалу присваивается код, что облегчает прослеживаемость образцов и минимизацию человеческого фактора.

Биоколлекция для текущих и перспективных генетических исследований в биобанке БГМУ включает в себя: кровь, образцы опухолевой и нормальной ткани. Для лучшей сохранности генетического материала применяются технологии, минимизирующие деградацию ДНК и РНК. После получения биоматериала один образец опухолевой ткани немедленно замораживается в жидком азоте, второй образец опухоли помещается в стабилизирующие растворы для сохранения целостности нуклеиновых кислот. Образцы немедленно транспортируются в биобанк и в зависимости от протокола размещаются на хранение в низкотемпературный морозильник при температуре -80 C^0 или в установку Biosafe при температуре -150 C^0 . Цельная кровь либо помещается на хранение в биобанк при температуре -80 C^0 , либо подвергается процессингу с выделением ДНК

Поскольку современные генетические исследования опираются на анализ больших групп пациентов, биобанки становятся критически важной инфраструктурой. Их использование позволяет оперативно задействовать выборки нужного размера и получать широкий спектр высококачественного биоматериала.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ КОЭФФИЦИЕНТА ФОТОПЕРИОДИЧЕСКОЙ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ (КФПЧ) У ЛИНИЙ КАРТИРУЮЩЕЙ ПОПУЛЯЦИИ ЛЬНА

Нигамадянов А.Р., Антонова О.Ю., Брач Н.Б.

Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР),
190000, Россия, Санкт-Петербург, Б. Морская ул., 42-44.
a.nigamadyanov@yandex.com

Лен (*Linum usitatissimum* L.) выращивают в различных климатических зонах как яровое и озимое растение. Приспособление к различным условиям привело к появлению генотипов с разным вегетационным периодом и степенью фоточувствительности. В генетической коллекции льна ВИР выявлено широкое разнообразие линий по продолжительности фаз вегетационного периода, числу листьев на стебле (физиологическому показателю раннего цветения) и степени фоточувствительности. Раноцветущую в условиях длинного дня, сильно фоточувствительную (КФПЧ=1,26-1,45) линию гк-109, несущую ген белоцветковости *wf1*, ассоциированный с ранним цветением и малым количеством листьев, скрестили с поздноцветущей, слабо фоточувствительной (КФПЧ=0,95-1,07) линией гк-375, имеющей красно-фиолетовые цветки. В F1 доминировала сильная фоточувствительность (КФПЧ=1,28). Изучение расщепления F2 в условиях длинного (19 часов) и короткого (12 часов) дня показало, что число листьев на стебле ассоциировано со временем цветения и контролируется близкими генетическими системами, но только на длинном дне. На коротком дне не проявлялась связь между временем цветения и цветом лепестков. Таким образом, при разных режимах освещения активны разные группы генов, отвечающих за сроки цветения.

Из гибридной популяции получили 203 линии 6 поколения инбридинга. Оценка линий показала значительные различия их фоточувствительности: 0,9–1,6 независимо от окраски венчика. В условиях длинного дня большинство белоцветковых линий зацвели рано и имели малое количество листьев, однако часть из них цвели поздно и были более облиственны. Наоборот, среди линий с окрашенными цветками появились рано цветущие и малооблиственные. Вероятно, в мейозе F1 произошел кроссинговер между геном, участвующим в контроле раннего цветения, пришедшим от линии гк-109, и геном *wf1*.

Для картирования признака выделена ДНК из родительских форм и всех линий, и разработаны SSR-маркеры на основе анализа полногеномной последовательности льна EIMB-LUsi-Atlant2.0.

ТАКСОНОМИЧЕСКИЙ СОСТАВ МИКРОБИОМА ОСНОВНЫХ ТИПОВ ПОЧВ ЯМАЛО-НЕНЕЦКОГО АВТОНОМНОГО ОКРУГА

Абакумов Е.В.,^{1,2} Низамутдинов Т.И.,^{1*} Янг Сиджонг,³ Ву Ксяодонг,³ Кимеклис А.К.,²

Гладков Г.В.²

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, Кафедра прикладной экологии, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб. д. 7-9

² Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608, Санкт-Петербург, г. Пушкин, Подбельского ш., д. 3

³ Северо-Западный институт экологии, окружающей среды и ресурсов (NIEER), Китайская академия наук, 730000, КНР, пров. Ганьсу, г. Ланьчжоу, ул. Дунган Силу, д. 320

*timur_nizam@mail.ru

Исследовали микробиом почв и почвообразующих пород на территории Ямало-Ненецкого автономного округа, в окрестностях городов Салехард, Лабытнанги и на предгорьях Полярного Урала. Для выделения ДНК и секвенирования отбирали пробы почв из поверхностных горизонтов и почвообразующих пород. В датасет вошли образцы подзолов, подбуров, глеевых почв, криоземов, органоаккумулятивных и торфяных почв. На основе данных ампликонного секвенирования гена 16S рРНК был получен датасет содержащий 589953 прочтений, относящихся к 4719 ASV. Для поверхностных горизонтов было показано сродство композиции микробиомного состава между торфяными почвами и подзолами, остальные почвы значительно отличались. Сродство верхних горизонтов не повторялось для почвообразующих пород, показана значительная вертикальная дифференциация состава микробиомов исследованных почв. В целом при сравнении верхних горизонтов и почвообразующих пород для первых характерна большая равномерность альфа-разнообразия, по сравнению с почвообразующими породами.

Представленность микроорганизмов показывает достоверную, но низкую корреляцию с темпами минерализации почвенного органического вещества (РМС) - 0.07 (p-value < 0.01) при температуре инкубации 10°C, с уменьшением при температуре инкубации 25°C. Было выделено 146 ASV которые достоверно коррелируют с увеличением РМС. Из этих ASV большинство не были идентифицированы до рода и относились к филам Actinobacteria, Proteobacteriota, Acidobacteriota, Chloroflexota, Planctomycetota. Из идентифицированных представителей стоит отметить такие рода как Acidothermus (Actinobacteriota), Roseiarcus (Alphaproteobacteria) – характерные для подзолов, криоземов и торфяных почв, Bradyrhizobium (Alphaproteobacteria) – характерный для подзолов, Xiphinematobacter и Opitutus (Verrucomicrobiae) – также характерные для подзолов. Данные микроорганизмы можно выделить как маркерные для арктических почв с высокой минерализационной активностью.

Исследование выполнено при поддержке РФ (грант № 24-44-00006)

ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ ГРЕЧИХИ ПОСЕВНОЙ ДЛЯ ЗЕМЛЕДЕЛЬЧЕСКИХ ЗОН КРАСНОЯРСКОГО КРАЯ

Никитина В.И.

Красноярский государственный аграрный университет, Кафедра ландшафтной архитектуры и ботаники, 660049, Россия, Красноярск, пр. Мира 90.

vi-nikitina@mail.ru

Возделыванию гречихи в Восточной Сибири препятствуют не только биологические и агротехнические ее особенности, но отсутствие сортов приспособленных к почвенно-климатическим условиям зон. В настоящее время селекционная работа с гречихой существенно расширилась и углубилась. Произошел переход ее на создание синтетических сортов, скороспелых, гомостильных и детерминантных форм, к мутационной селекции, межвидовой гибридизации. Основы исходного материала для селекции гречихи в Красноярском крае заложены Ф.Е. Замяткиным (2010), которым были получены полиплоидные и созданы гомостильные формы гречихи. Весь материал им был передан на кафедру ландшафтной архитектуры и ботаники Красноярского ГАУ, после его изучения часть образцов отправлена во Всероссийский институт растениеводства имени Н. И. Вавилова. В результате дальнейшей работы был создан сорт гречихи Жданка, который допущен и возделывается в Красноярском крае, сорт Ника передан на сортоиспытание в Государственную комиссию Российской Федерации. Для обоих сортов характерна высокая степень самоопыления. При селекции сортов, приспособленных к местным условиям, получены гибридные популяции с высокой выравненностью зерна, урожайностью и массой 1000 плодов, хорошими технологическими показателями качества. Масса 1000 плодов в гибридных популяциях варьирует в среднем от 32,70 до 39,42 грамм, урожайность 178 до 427 г/м². Число зерен в лучших популяциях гречихи достигает 113 ... 154 на одно растение. Повысился процент реализации цветков в зерна, который составляет от 12,0 до 23,0%, у некоторых растений он достигает 40,0%. Большие потери урожайности зерна у сортов гречихи происходят из-за склонности к сильной осыпавости созревших семян. Идет работа в направлении селекции растений гречихи, обладающих высокой озерненностью, низкой осыпавостью, одновременно созревающих.

ОЦЕНКА ГЕРОПРОТЕКТОРНОГО ПОТЕНЦИАЛА ЦВЕТНОЗЕРНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ ТАТАРСКОЙ СЕЛЕКЦИИ КАК ГЕНЕТИЧЕСКОГО РЕСУРСА ДЛЯ АКТИВНОГО ДОЛГОЛЕТИЯ НА МОДЕЛИ *DROSOPHILA MELANOGASTER*

Нурасов Р.И.,* Костенко В.В., Баранова Н.Б.

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, 420008, Россия, Казань, ул. Кремлёвская, д. 18.

*rifat.nurasov99@gmail.com

Цветнозерные сорта мягкой яровой пшеницы татарской селекции рассматриваются как генетический ресурс для функционального питания, направленного на активное долголетие. Целью работы являлась оценка геропротекторного потенциала фиолетовозерного сорта Надира, краснозерного Йолдыз и желтозерного Хазинэ на модели *Drosophila melanogaster* — общепризнанном объекте геронтологических исследований ввиду высокой гомологии с млекопитающими по ключевым путям старения (инсулин/IGF-1, детоксикации, антиоксидантной защиты). Скрининг этанольных экстрактов в диапазоне 1–10 % выявил оптимальную дозу 5 %. Постоянное потребление экстрактов достоверно увеличивало среднюю продолжительность жизни: риск смертности снижался на 20 % для сорта Надира и на 30 % для сорта Йолдыз. Снижение флуоресценции репортёрной конструкции *GstD1* подтвердило уменьшение окислительного стресса — одного из ведущих механизмов старения — у мух, получавших экстракты Надира и Йолдыз. Тест отрицательного геотаксиса показал сохранение локомоторной активности вплоть до 21 суток, что свидетельствует об отсрочке возраст-зависимого снижения нейромышечных функций. Микроскопия яичников выявила наилучшую сохранность репродуктивных тканей в группах Йолдыз и Надира, отражая замедление репродуктивного старения. Анализ методом ПЦР в реальном времени показал изменение экспрессии генов антимикробных пептидов (*Мечниковин*, *Дрозомидин*), указывающее на иммуномодулирующий потенциал, актуальный в контексте иммуностарения. Тест ДНК-комет на клетках кишечного эпителия личинок генотоксичности не выявил и в ряде случаев обнаружил протекторный эффект, что свидетельствует о поддержании геномной стабильности. Совокупность данных обосновывает перспективность сортов Надира и Йолдыз как генетического ресурса для разработки продуктов функционального питания, направленных на активное долголетие.

**ЦИФРОВАЯ КАФЕДРА СЕЧЕНОВСКОГО УНИВЕРСИТЕТА КАК
ОБРАЗОВАТЕЛЬНЫЙ ПРОЕКТ ПО РАБОТЕ С БАЗАМИ ДАННЫХ И ОНЛАЙН
ИНСТРУМЕНТАМИ БИОИНФОРМАТИКИ**

Орлов Ю.Л.^{1*}, Савина Е.А.^{1,2}, Сафрыгина А.А.¹, Лебедев Г.С.¹, Анашкина А.А.^{1,2}

¹Первый Московский государственный университет им. И.М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет), Кафедра информационных технологий и анализа медицинских данных, 119048, Россия, Москва, ул. Трубецкая 8-2.

²Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта РАН, 119991, Москва, ул. Вавилова, 32.

* orlov@bionet.nsc.ru

Представляем образовательный проект обучения студентов медицинских и биологических направлений цифровым технологиям в биоинформатике, ориентированный на работу с базами данных, использование онлайн-инструментов. Развитие и внедрение высокопроизводительных технологий, методов Искусственного Интеллекта, Машинного Обучения предполагает подготовку кадров, переквалификацию специалистов существующих научных направлений, в том числе естественно-научных и медицинских дисциплин. Идет образовательная работа через Общество биофизиков России (<http://rusbiophysics.ru/>), организацию молодежных научных Школ по биофизике. В Сеченовском Университете с 2022 года продолжается проект Цифровой Кафедры для дистанционного обучения студентов медицинских специальностей современным информационным технологиям, с выполнением дипломных работ. Работает сайт проекта Цифровой Кафедры (<https://dk.sechenov.ru/>), представляющий направления подготовки по созданию и поддержке баз данных, анализу медицинских данных, обучению разработке цифровых медицинских сервисов, разработке VR/AR решений (виртуальная и дополненная реальность) в медицине, цифровой трансформации медицинской организации. В области системной биологии опубликованы работы по исследованию механизмов регуляции экспрессии генов тРНК с участием студентов. Рассматриваются задачи системной биологии для медицины – компьютерного поиска и реконструкции сети взаимодействий - ген-заболевание и заболевание-лекарство, создания веб-серверов по поиску генов-мишеней микроРНК, анализ энтропии генома [4,5,6]. Реконструкция структуры генной сети для набора генов, ассоциированных с заболеванием, позволяет определять эффективность диагностики и терапии, изучать возможности направленного лекарственного воздействия на гены-мишени. Мы представим примеры студенческих работ по исследованию синдрома Ангельмана, муковисцидозу, методике использования онлайн инструментов биоинформатики для реконструкции генных сетей редких и комплексных заболеваний.

Работа поддержана грантом Фонда Потанина для преподавателей магистратуры 2025 года (ГСГК-144/25).

**ФОРМИРОВАНИЕ, ПОПОЛНЕНИЕ И ВЕДЕНИЕ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОЙ
КОЛЛЕКЦИИ БАКТЕРИЙ В НАУЧНО-МЕТОДИЧЕСКОМ ОТДЕЛЕ
БАКТЕРИОЛОГИИ ФГБУ «ВНИИКР»**

Панченко К.В.¹, Словарева О.Ю.^{1,2}

¹ФГБУ «Всероссийский центр карантина растений», Быково, Россия

²Российский университет дружбы народов, Москва, Россия

*ksushik96@mail.ru

Изучение карантинных и особо опасных бактериальных болезней растений и их возбудителей в целях обеспечения биобезопасности территории РФ и экспортной продукции требует наличия коллекционного фонда бактериальных штаммов. В связи с чем на базе ФГБУ «ВНИИКР» создана исследовательская коллекция бактерий в научно-методическом отделе бактериологии, благодаря которой обеспечивается выполнение научно-исследовательских и производственных работ, а также реализация обучающих программ.

В исследовательской коллекции уже представлено 65 родов бактериальных штаммов, ассоциированных с растительными культурами, а именно: *Agreia*, *Agrobacterium*, *Agromyces*, *Agrococcus*, *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Aeromicrobium*, *Advenella*, *Arthrobacter*, *Bacillus*, *Brevibacterium*, *Brucella*, *Cellulomonas*, *Clavibacter*, *Curtobacterium*, *Chryseobacterium*, *Corynebacterium*, *Conyzicola*, *Cronobacter*, *Dietzia*, *Dickeya*, *Dyadobacter*, *Erwinia*, *Epilithonimonas*, *Exiguobacterium*, *Enterobacter*, *Frondihabitans*, *Flavobacterium*, *Frigoribacterium*, *Gordonia*, *Glutamicibacter*, *Knoellia*, *Kosakonia*, *Klebsiella*, *Lysinibacillus*, *Massilia*, *Mesorhizobium*, *Microvirga*, *Micrococcus*, *Microbacterium*, *Nocardioideis*, *Oerskovia*, *Ochrobactrum*, *Pantoea*, *Paucimonas*, *Patulibacter*, *Pectobacterium*, *Pseudoclavibacter*, *Pseudomonas*, *Paraburkholderia*, *Paeniglutamicibacter*, *Paenarthrobacter*, *Paenibacillus*, *Rathayibacter*, *Ralstonia*, *Rhodococcus*, *Rhizobium*, *Robbsia*, *Salinibacterium*, *Streptomyces*, *Serratia*, *Xylophilus*, *Xanthomonas*, *Xylella*, *Xaviernesmea*.

Каждый бактериальный штамм в исследовательской коллекции проходит характеризацию, после чего на него оформляют паспорт и в реестре присваивают индивидуальный номер, который представлен в виде идентификатора коллекции (VNIKR), с обозначенной таксономической группой (В) и четырёхзначным номером, например: VNIKR-B 0001.

Пополнение исследовательской коллекции новыми бактериальными штаммами осуществляется как в процессе выполнения научно-исследовательских работ, так и за счёт поступлений из других коллекций в рамках научного сотрудничества.

Работа выполнена в рамках Государственного задания, регистрационный номер ЕГИСУ НИОКТР 1024032800380-3.

МЕТОД SDS ЭЛЕКТРОФОРЕЗА БЕЛКОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ КОЛЛЕКЦИЙ СЕМЯН НА ПРИМЕРЕ САМООПЫЛЯЕМЫХ И ПЕРЕКРЕСТНООПЫЛЯЕМЫХ ВИДОВ ДОННИКА С ЦЕЛЬЮ СОЗДАНИЯ БЕЛКОВЫХ ПАСПОРТОВ

Попихина М.М., Дук О.В., Егги Э.Э.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н. И. Вавилова (ВИР), ул. Большая Морская, 42, 44, Санкт-Петербург, Россия

m.popihina@vir.nw.ru, duk-olg@yandex.ru, zininaanna@yandex.ru

При ведении коллекций генетических ресурсов растений ключевое значение имеет достоверное определение таксономической принадлежности образцов, поддержание их подлинности при длительном хранении и сохранение свойств в ходе многократного репродуцирования. (Конарев, 2000).

Решение указанных задач на фенотипическом уровне затруднено при наличии внутривидового полиморфизма, что характерно для коллекции рода *Melilotus*. Род представлен как однолетними самоопыляемыми, так и двулетними перекрестноопыляемыми видами. («Флора СССР», 1934-1964).

Донник — кормовая культура с высокой адаптивностью и устойчивостью к засухе, способный расти на бедных и засоленных почвах. Генетическое разнообразие рода делает его ценным объектом для селекции, но существенно затрудняет идентификацию видов. («Флора СССР», 1934-1964).

Метод электрофореза в 12,5%-ном полиакриламидном геле с додецилсульфатом натрия по Лаемли позволяет получать белковые спектры семян. На их основе создают белковые паспорта, что повышает эффективность работы с коллекцией и обеспечивает контроль чистоты образцов при пересеве. (Конарев, 1970). Метод уже показал свою эффективность для люпина, козлятника и вики. (Егги, 2012, 2013, 2016).

Мы разрабатываем подход к видовой идентификации рода *Melilotus* на основе SDS-электрофореза. Из коллекции ВИР взяты образцы 16 видов, каждый представлен одним-пятью образцами. Изучены 7 однолетних и 9 двулетних видов.

Белковые спектры отдельных семян перекрестноопыляемых растений отличаются высокой гетерогенностью, поэтому мы анализировали спектры муки не только отдельных семян, но и из 20, 50 и 200 семян. Полученные спектры характеризовали образец в целом. Компоненты регистрировали в виде цифровых позиций с помощью «соевой шкалы» (Егги, 2015). Были выявлены белковые компоненты, характерные для изученных образцов. Дальнейшая работа направлена на выявление специфичных компонентов для каждого из изученных видов донника, а также на создание белковых паспортов и структуризацию коллекции.

ХАРАКТЕРИСТИКА НОВЫХ РЕКОМБИНАНТНЫХ ЛИНИЙ С БОЛЬШИМ ЧИСЛОМ ЗЕРНОВОК ОТ СКРЕЩИВАНИЯ ТРИТИКАЛЕ С МЯГКОЙ ПШЕНИЦЕЙ

Пюккенен В.П., Кибкало И.А., Пендинен Г.И.

ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

v-tina7@yandex.ru

Гибридизация мягкой пшеницы с тритикале направлена на получение перспективного материала для селекции и расширение генетического разнообразия обеих культур. В целях привлечения озимой мягкой пшеницы из Китая в отечественную селекцию нами были созданы различные пшенично-ржаные линии F_{12} с геномным составом VBAARR. Для расширения генетического разнообразия в сезон 2018/2019 гг. в условиях г. Пушкин (Северо-Западный регион РФ) были проведены скрещивания линии тритикале Красносельская 3, полученной на основе хорошо скрещивающейся с рожью стародавней мягкой пшеницы из Китая с образцами мягкой пшеницы из коллекции генетических ресурсов растений ВИР: сортом Chornobrova (*v. uralicum*, Украина, к-66460) с фиолетовой окраской зерновок и озимой линией к-54108 (*v. viridimilturum*, Россия) с голубой окраской зерновок. Образцы озимой мягкой пшеницы с окраской зерновок использованы для фенотипической идентификации в расщепляющемся потомстве. В сезоны с 2019/2020 по 2024/2025 гг. в результате проведения направленного индивидуального отбора на хорошую перезимовку, продуктивность растений, и окраску зерна в расщепляющихся популяциях F_2 - F_7 созданы линии со стабильно большим числом зерновок с колоса и различной окраской зерновок. С использованием GISH анализа показано, что из 14 изученных линий семь представляли собой пшеницу ($2n=42$, VBAADD), а одна – тритикале ($2n=42$, VBAARR). Геномы остальных линий находятся в процессе становления. У 26 линий проведена технологическая оценка качества зерна и муки по ряду показателей. Значения варьировали: по показателю седиментация от 60 до 82мл, согласно ГОСТа, по натуре зерна от 754 до 824 г/л, массовой доле белка от 13,4 до 20%, углеводно-амилазного комплекса по числу падения от 284 до 476 с. Большинство линий соответствовали классу «сильная» пшеница.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЯЧМЕНЯ ИЗ АФГАНИСТАНА ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ОБЫКНОВЕННОЙ ЗЛАКОВОЙ ТЛЕ

Радченко Е.Е.,* Ковалева О.Н., Абдуллаев Р.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000, Россия, Санкт-Петербург, Большая Морская, д. 42, 44.

*eugene_radchenko@rambler.ru

Возделывание генетически защищенных сортов ячменя рассматривается как наиболее экономичный способ борьбы с обыкновенной злаковой тлей *Schizaphis graminum* Rondani. К сожалению, этот опасный фитофаг способен быстро преодолевать устойчивость растений. Богатым источником пополнения запаса эффективных генов резистентности могут быть образцы местного ячменя из стран Азии. В лабораторных опытах с помощью балловой шкалы оценили устойчивость к краснодарской популяции насекомого 65 образцов ячменя из Афганистана и семи линий, которые были выделены ранее из гетерогенных местных образцов. Кроме того, изучили сорт Post (к-31204, США, защищен геном *Rsg1*) и линии, выделенные из образцов к-15903, к-15600, к-16190 (Китай), к-4080, к-3885, к-3904 (Монголия) и сорта Онохойский (к-16626, Россия, Бурятия), каждая из которых имеет по одному гену устойчивости, а также выделенную из сорта Namji Milyang Native K647 1007 (к-28129, Северная Корея) линию, защищенную доминантным и рецессивным генами. Наследование устойчивости у линий из Афганистана изучали с помощью тест-клонов *S. graminum* и гибридологического анализа. Восемь гетерогенных образцов из Афганистана содержат растения с высоким уровнем устойчивости к насекомому. В результате заселения Post и семи выделенных из афганских образцов линий 93 клонами тли выявили 29 фенотипов вирулентности *S. graminum*. Наблюдали дифференциальное взаимодействие с генотипами тли не только отчетливо проявляющихся, но и слабоэкспрессирующихся генов. Устойчивость всех линий контролируют различные аллели, которые отличаются и от идентифицированных нами ранее. Эффективность генов, которыми защищены выделенные из афганских образцов линии, в большинстве случаев низка. Устойчивы к популяции тли две линии – 20209 и 22421. У линии 22421 выявлен моногенный доминантный контроль признака.

Работа выполнена в рамках Программы развития НЦГРР по соглашению с Минобрнауки России от 01.04.2026 г. № 075-02-2026-1649.

КРИОКОНСЕРВАЦИЯ ОБРАЗЦОВ *VIGNA UNGUICULATA* (L.) WALP

Раздувалова С.А.,^{1*} Камылина Н.Ю.,¹ Крылова Е.А.,¹ Ухатова Ю.В.^{1,2}

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190031, Россия, Санкт-Петербург, Большая Морская ул., 42, 44.

²Научно-технологический университет «Сириус», Центр генетики и наук о жизни, 354340, Россия, Краснодарский край, федеральная территория «Сириус», Олимпийский проспект, д. 1.

*s.razduvalova@vir.nw.ru

Вигна – перспективная культура с высоким производственным потенциалом. Современная селекция связана с развитием биотехнологических и генетических приемов. Апробация методик редактирования часто проводится на каллусной культуре. Для длительного сохранения эмбриогенного каллуса возможно применение криохранения. Цель настоящего исследования – апробация методики криоконсервации для получения посткриогенных жизнеспособных эксплантов. Исходным материалом были три образца вигны из коллекции ВИР. Для криоконсервации использовали оригинальную модификацию метода дроплет-витрификации с быстрым погружением в жидкий азот («DV_biotech») (Дунаева и др., 2017). Эксплантами для криоконсервации в контрольном (без погружения в жидкий азот) и опытном (с погружением в жидкий азот и оттаиванием) вариантах служили части каллуса. Изучали влияние состава питательной среды на эффективность посткриогенного развития. Состав первой среды – по протоколу «DV_biotech» (МСТо), второй – среда Мурасиге-Скуга (МС) с добавлением 0,1 мг/л тидиазурина и 0,1 мг/л 2,4-Д. Процент регенерации после оттаивания отмечали на седьмой неделе культивирования.

По результатам опыта в обоих вариантах была отмечена относительно невысокая регенерация клеток каллусной массы. В контрольном варианте вне зависимости от состава среды в среднем показатель регенерации был 31%, наивысший (40%) отмечали у образца к-642 на среде МСТо. В опытном варианте наблюдали снижение процента регенерации в среднем в 3,8 раза. Образец к-640 отличался самым низким показателем посткриогенной регенерации: на среде МСТо регенерация не возобновилась, а на среде МС – отмечена у 1% эксплантов. Экспланты на среде МС отличались более быстрыми темпами роста.

Полученные результаты указывают на возможность криоконсервации эксплантов вигны с целью их использования в биотехнологических и генетических экспериментах. Необходима дальнейшая отработка методов криоконсервации, а также поиск генотипов с высоким посткриогенным регенерационным потенциалом.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СТАД МОЛОЧНОГО СКОТА ЯРОСЛАВСКОЙ ПОРОДЫ ПО ИНДЕКСУ ГЕНЕТИЧЕСКОГО СХОДСТВА

Скворцова Е.Г.,* Филинская О.В.

Ярославский государственный аграрный университет, Кафедра зоотехнии, 150042, Россия,
Ярославль, Тутаевское ш., 58.

*e.skvorcova@yarcx.ru

Актуальность изучения генетического сходства и различия стад крупного рогатого скота обусловлена возрастающим значением селекционной работы и необходимостью сохранения генетического разнообразия. В условиях интенсивного животноводства, направленного на повышение продуктивности, возникает риск инбридинга и потери ценных аллелей, что может негативно сказаться на адаптационных способностях и устойчивости к заболеваниям. Современные исследования генетической структуры стад базируются на расчёте индексов фиксации (FST). Целью данного исследования явилась генетическая характеристика представителей четырех стад ярославской породы молочного скота (236 гол.), прогенотипированные на чипах Bovine Versa SNP chip 100. Результаты продемонстрировали незначительную генетическую дифференциацию между популяциями. Генетические дистанции между стадами невелики (от 0,006 до 0,035), что говорит об их общем происхождении. Стадо с наибольшей кровностью по голштинской породе (86%) отличается от трех других наиболее сильно, в нем наблюдаются высокие частоты аллеля *E* по локусу CZN3 (наименее сыропригодного) и аллеля *B* по GH1 2141. Минимальная дистанция ($d=0,0068$), а также максимальный индекс генетического сходства ($r=0,993$) наблюдаются у двух стад, средняя кровность которых по голштинской породе отличается (15 и 46%). Из аллелей полиморфных белков стада наиболее сильно различаются по доле аллелей каппа-казеина. В наиболее голштинизированном стаде высокая частота редкого аллеля *E* (0,28), в выборке со средней кровностью 46% доминирует аллель CZN3 A (0,67), в выборке с кровностью 15% в равных долях встречаются аллели A и B (по 0,48). В стаде с самой низкой кровностью по голштинской породе доли аллелей A и B составили 0,60 и 0,35. Таким образом, несмотря на общее происхождение, направленная селекция и различные селекционные стратегии приводят к значимым сдвигам в частотах аллелей ключевых полиморфных белков.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках научно-исследовательской работы по теме «Разработка способа сохранения ценного генофонда ярославской породы крупного рогатого скота с использованием межпородного скрещивания» (рег. № 125052006206-5).

РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЛЬНА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ПО УСТОЙЧИВОСТИ К РЖАВЧИНЕ (*MELAMPSORA LINI* PERS.(LEW.))

Слободкина А.А.* Павлов А.В., Пороховинова Е.А.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44

* Snas1999@yandex.ru

Ржавчина (*Melampsora lini* Pers.(Lew.)) является третьим по вредоносности заболеванием льна. Она быстро эволюционирует и преодолевает эффективные гены устойчивости. Оценка устойчивости льна к ржавчине проводилась в 2021-2023гг. Создан искусственный инфекционный фон, на котором изучали устойчивость на уредо и телейто стадии патогена. 2021г. был неблагоприятный для патогена, в 2022г. наблюдалась эпифитотия, 2023г. – типичный. Исследуемая выборка включала в себя 293 образца: 150 долгунцы (91 линия и 59 сортов), 132 – межеумки (106 и 26), 10 – кудряши (9 и 1) и один сорт-стандарт, к-6790 ‘Сложный гибрид’. Среди этих образцов было 34 линии-дифференциатора коллекции Г.Флора. Устойчивость у льна можно разделить на вертикальную, горизонтальную и возрастную. Из 31 аллеля 5 R-генов эффективными оказались 24 (*K, K1, L3, L4, L5, L6, L7, L8, L10, L11, M, M2, M3, M4, M5, M6, N, N1, P1, P3, P4, P6, Q*), а неэффективными – 7 (*L, L1, L2, L9, M1, N2, P5*). Полную устойчивость имели 50 из 91 линии и 12 из 59 районированных сортов льна-долгунца, две линии и два сорта имели возрастную устойчивость, а 5 линий и 6 – сортов –горизонтальную. Полную устойчивость имели 73 из 106 линии и 10 из 26 районированных сортов льна-межеумка, три линии имели возрастную устойчивость, 5 линий и 2 – сорта –горизонтальную. Полную устойчивость имели 8 из 9 линий льна-кудряша. У трети образцов при взаимодействии с патогеном наблюдались крупные некрозы. Популяция ржавчины меняет свой расовый состав. На дифференциаторах показано, что в 2022,2023гг. аллель *L2* стала не эффективной, а *N2* – эффективной. Потеряли устойчивость 15 образцов, устойчивыми стали два. Сорт ‘Памяти Крепкова’ был устойчив в эпифитотию, а в другие года незначительно поражался. Для создания сортов льна рекомендуем использовать доноры устойчивости к ржавчине ВИР1-14,17-19, устойчивые районированные сорта, гк-109 – линию с возрастной устойчивостью.

Обработка результатов выполнена при поддержке FGEM-2022-0005.

СОЗДАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПАСПОРТОВ КОЛЛЕКЦИИ СОРТОВ ЯБЛОНИ (*MALUS DOMESTICA* BORKH.) БОТАНИЧЕСКОГО САДА ИМ. В.М. КРУТОВСКОГО

Сухих Т.В.,* Ибе А.А., Шеллер М.А., Моксина Н.В., Братилова Н.П.

Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М. Ф. Решетнёва, Научная лаборатория «Селекция древесных растений», 660037, Россия, Красноярск, проспект им. газеты «Красноярский рабочий», 31.

*cherkesova-tv@yandex.ru

Ботанический сад им. Вс. М. Крутовского, создавался в пригородной зоне Красноярска с 1904 г. В настоящее время уникальная коллекция сада насчитывает 39 культурных сортов яблони домашней российской и зарубежной селекции. Деревья произрастают в стланцевой и открытой форме, адаптированы к сибирским условиям. Нами была впервые проведена генетической паспортизации данных сортов. Объектами исследования стали деревья, высаженные самим создателем сада Вс. Крутовским. Многие из них достигли 120-летнего возраста и продолжают плодоносить. ДНК проанализированных сортов выделяли из свежих листьев с применением СТАВ-метода. Дифференциация сортов выполнена с применением 11 ядерных микросателлитных локусов. Постановка ПЦР осуществлялась в трех мультиплексных наборах по 3-4 локуса в каждом. Все использованные микросателлитные локусы показали достаточно высокий уровень полиморфизма. Всего в локусах выявлено от 9 до 20 аллельных вариантов. Средние значения показателей генетической изменчивости составили: число аллелей на локус (N_A) - 13,091; эффективное число аллелей (N_E) - 6,446; значения наблюдаемой (H_O) и ожидаемой гетерозиготности (H_E) 0,660 и 0,797 соответственно. Обнаружено, что все отобранные образцы имеют разный генотип. На основе полиморфизма микросателлитных локусов составлены генетические паспорта 39 сортов яблони домашней Ботанического сада им. Вс. М. Крутовского. Получено свидетельство о государственной регистрации базы данных генетических паспортов сортов яблони домашней (*Malus domestica* Borkh.) Ботанического сада им. Вс. М. Крутовского. Данные ДНК-паспортов в дальнейшем могут быть использованы для инвентаризации посадок и подтверждения сортовой аутентичности.

Исследование выполнено в рамках государственного задания №FEFE-2024-0013 по заказу Министерства науки и высшего образования Российской Федерации коллективом научной лаборатории «Селекция древесных растений» по теме «Селекционно-генетические основы формирования целевых насаждений и рационального использования древесных ресурсов Красноярского края (Енисейской Сибири)».

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЗЕРНОВЫХ ЗЛАКОВЫХ КУЛЬТУР ПО ЭФФЕКТИВНОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ

Тырышкин Л.Г.

ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), отдел генетики, 196601, Россия, Санкт-Петербург-Пушкин, Московское шоссе 11

tyryshkinlev@rambler.ru

Согласно данным отечественной литературы, существует большое количество источников эффективной устойчивости злаковых культур к листовым болезням. Во многих случаях сообщается о наличии у них новых генов резистентности. В настоящей работе изучали устойчивость проростков и взрослых растений у образцов зерновых культур, описанных как высокоустойчивые к болезням. Изучались следующие патосистемы: мягкая пшеница – возбудители листовой ржавчины, септориоза и темно-бурой листовой пятнистости, тритикале – возбудители листовой ржавчины, темно-бурой листовой пятнистости, мучнистой росы и септориоза, овес – возбудитель корончатой ржавчины, ячмень – возбудители карликовой ржавчины, темно-бурой листовой пятнистости, мучнистой росы, эгилопсы – возбудители листовой ржавчины, темно-бурой листовой пятнистости, мучнистой росы. Подавляющее большинство форм оказались восприимчивыми на 2-х стадиях онтогенеза. Основные методические ошибки оценок, приводящие к ошибочной идентификации источников эффективной устойчивости: 1). на стадии проростков – использование заражения отрезков листьев в бензимидазоле, низкие концентрации конидий гемибiotрофных патогенов при инокуляции растений, выделение устойчивых образцов после заражения единичными генотипами патогенов, идентификация носителей эффективных генов резистентности по результатам анализа ампликонов, использование для инокуляции обедненных популяций патогенов, оценка образцов при константном значении факторов среды; 2). на стадии флаг-листа – выделение генотипов по результатам одно- двухлетних экспериментов, оценка материала на естественных инфекционных фонах в мелкоделяночных посевах и т.д. Таким образом, по результатам наших исследований генетическое разнообразие приведенных выше культур по эффективной резистентности крайне узко и легкодоступных методов его расширения практически нет. Было показано явление изменения вирулентности и агрессивности фитопатогенных грибов под действием внешних факторов. Снижение спектров вирулентности и агрессивности под действием солей азота позволяет рекомендовать обработку растений такими солями для уменьшения поражения их болезнями. Природа модификационной изменчивости вирулентности патогенов указывает на необходимость изучения генетического разнообразия культур по отзывчивости на обработки солями азота.

ОЦЕНКА СОДЕРЖАНИЯ АЛКОЛОИДОВ РАСТЕНИЙ И МИКРОКЛОНОВ ВИДОВ *ARISTOLOCHIA*

Юсупова Е.П.*, Григорчук В.П., Наконечная О.В.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный научный центр
биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, 690022, г. Владивосток, Пр-т
100-летия Владивостока, 159, info@biosoil.ru

*ve.foxhole@gmail.com

Медицинское применение видов *Aristolochia* ограничено наличием в них аристолохиевых кислот (АК) — нефро-/канцерогенами. Канцерогенез опосредован аддуктом АК-I (7-(дезоксаденозин-N6-ил)аристолактама I), вызывающим А→Т мутации p53 (Lord et al., 2004); нефротоксичность — биоактивацией и дисфункцией митохондрий (Anger et al., 2020). Отдельные АК сочетают безопасность и активность (Liu et al., 2023).

Цель работы — сравнение профилей АК (AA-I, II, IIIa, IV, IVa) и аристолактамов в микроклонах (МК) и растениях *ex situ* (Р) шести видов *Aristolochia* методом ВЭЖХ- с УФ- и масс-селективным детектированием. Обнаружено 12 азотсодержащих соединений. Профили алкалоидов в МК и Р у большинства видов совпадают. Концентрации АК-I и АК-II в МК превышали таковые в Р у *A. contorta*, *A. gigantea* и *A. manshuriensis* ($r = -1,00$; все $p > 0,05$). Частота обнаружения кислот различалась между группами (тест Фишера, $p > 0,05$), отражая видоспецифичные паттерны накопления. У *A. contorta* АК-I и АК-II отсутствуют, а у *A. gigantea* присутствуют в следовой форме, что позволяет применять листья без риска нефротоксичности.

Список литературы:

1. Lord G. M. et al. DNA adducts and p53 mutations in a patient with aristolochic acid-associated nephropathy // American Journal of Kidney Diseases. – 2004. – Т. 43. – №. 4. – С. e18. 1-e18. 7.
2. Anger E. E., Yu F., Li J. Aristolochic acid-induced nephrotoxicity: molecular mechanisms and potential protective approaches // International journal of molecular sciences. – 2020. – Т. 21. – №. 3. – С. 1157.
3. Liu W. et al. Non-carcinogenic/non-nephrotoxic aristolochic acid IVa exhibited anti-inflammatory activities in mice // Journal of Natural Medicines. – 2023. – Т. 77. – №. 2. – С. 251-261.

ИЗУЧЕНИЕ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ИЗ ЭФИОПИИ К АЛЮМОТОКСИЧНОСТИ КИСЛЫХ ПОЧВ

Яковлева О.В., Зуев Е.В.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

oly.yakovleva@mail.ru

Исследование устойчивости сельскохозяйственных культур к неблагоприятным эдафическим факторам становится все более актуальным в условиях меняющегося климата. В мире постоянно увеличивается доля кислых почв, где основным стрессором являются фитотоксичные ионы алюминия. В нашей стране самые большие площади почв с избыточной кислотностью, более 65 млн. га. Поэтому необходим поиск и изучение нового исходного материала для селекции устойчивых сортов, сочетающих высокую урожайность и качество продукции.

Устойчивость к токсичным ионам алюминия яровой мягкой пшеницы из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) была изучена у 1258 образцов, в основном представленными новыми селекционными сортами. В качестве источников устойчивости выделены 113 образцов, что составило только девять процентов от общего количества.

Для расширения наследственного разнообразия вида нами впервые изучены образцы пшеницы из Эфиопии и Эритреи, как перспективный селекционный материал. 111 местных форм яровой мягкой пшеницы были собраны тремя экспедициями ВИР: в 1927 году (Н.И. Вавилов), в 1959 г. (Ф.Ф. Сидоров), в 2012 г. (Российско-эфиопская экспедиция). Изученный фрагмент коллекции отличается большим разнообразием по устойчивости к токсичным ионам алюминия. Лабораторная оценка пшеницы методом корневого теста (185 мкМ Al^{3+} , pH 4,0) позволила выделить генотипы, различающиеся по реакции корней и ростка на ранних фазах онтогенеза. По индексу длины корня выделено 25 местных образцов с высокой устойчивостью к токсичным ионам алюминия, что составило более двадцати процентов от всех изученных. Два образца (к-59400, Н/9(th) IBWSN/66 и к-59401, Н/9(th) IBWSN/256) показали высокую степень устойчивость по индексу длины корня и ростка.

Полученные результаты пополняют знания о местных мягких пшеницах из Эфиопии, а выделенные источники рекомендуется использовать в селекции в южных регионах страны.

ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНАЯ ЭКСПРЕССИЯ МИКРОРНК В МОНОНУКЛЕАРАХ ПРИ ОСТЕОПОРОЗЕ: НОВЫЕ ДАННЫЕ ЭПИГЕНЕТИКИ ВОЗРАСТАССОЦИИРОВАННОГО ЗАБОЛЕВАНИЯ

Ялаев Б.И. *, Хусаинова Р.И.

ФГБУ «НМИЦ эндокринологии им. академика И.И. Дедова» Минздрава России, лаборатория
геномной медицины, 117036, Россия, Москва, ул. Дмитрия Ульянова, д. 11

*yalaev.bulat@endocrincentr.ru

Введение: Малая изученность и сложность эпигенетического ландшафта постменопаузального остеопороза (ОП) актуализируют исследование профилей экспрессии микроРНК, вовлеченных в процессы ремоделирования костной ткани. Интерес представляет анализ экспрессии микроРНК предшественниках остеокластов. Проведен анализ дифференциальной экспрессии микроРНК в мононуклеарах у женщин с постменопаузальным остеопорозом.

Методы: У 56 женщин постменопаузального возраста, среди которых 22 женщины с низким уровнем минеральной плотности (МПКТ) (Т-критерии <1.0) и 34 женщины с нормальным уровнем МПКТ и без переломов в анамнезе (Т-критерии >1.0) выделяли мононуклеары из периферической крови, из которых затем была выделена тотальная РНК. Экспрессию miR-23b-3p, miR-140-3p, miR-155-5p, miR-324, miR-1270, miR-548-3p, miR-8084, miR-144-3p, miR-133a, miR-21, miR-338-3p и miR-100-5p оценивали методом qRT-PCR, межгрупповое сравнение осуществляли по критериям Манна-Уитни и Краскела-Уоллиса.

Результаты: Уровень miR-23b-3p оказался значимо снижен в мононуклеарах у женщин с остеопорозом ($p=0.0202$): медиана DeltaCt в группе с низкой МПКТ составила -3.6 против -5.501 в контроле, что отражает уменьшение экспрессии в 3.7 раза.

Заключение: Новизна настоящего исследования заключается в анализе экспрессии микроРНК непосредственно в мононуклеарах периферической крови – выделение РНК проводили в день забора биоматериала без этапа культивирования клеток. Такой подход позволяет минимизировать артефакты, связанные с адаптацией клеток, и отражает нативный профиль экспрессии. Впервые в российской когорте женщин в постменопаузе охарактеризован профиль экспрессии 12 микроРНК в циркулирующих мононуклеарах – предшественниках остеокластов. Показано значимое снижение уровня miR-23b-3p у пациенток с остеопорозом, что может привести к дисрегуляции ключевых сигнальных путей (PI3K/AKT, Notch, Wnt). Результаты исследования приносят новые данные и расширяют понимание роли miR-23b-3p в мононуклеарах при постменопаузальном остеопорозе, а также служат основой для будущих функциональных исследований при разработке таргетной терапии.

ИЗУЧЕНИЕ РАЗНОВИДНОСТЕЙ ОВСА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР С ПОМОЩЬЮ НЕСПЕЦИФИЧЕСКОГО МЕТАБОЛОМНОГО ПРОФИЛИРОВАНИЯ ДЛЯ РАЗВИТИЯ НОВЫХ НАПРАВЛЕНИЙ СЕЛЕКЦИИ

Попов В.С.,^{1*} Шеленга Т.В.¹, Сафонова Э.Э.¹, Лоскутов И.Г.^{1,2}

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44.

²Санкт-Петербургский государственный университет, 199034, Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7-9.

*v.popov@vir.nw.ru

Для оптимизации селекционного процесса необходимо более глубокое изучение условия формирования качественного состава зерновок овса с помощью неспецифического метаболомного профилирования (НМП). Цель исследований – рассмотреть метаболомные профили разновидностей овса: *Avena sativa* L. var. *inermis* Koern., *A. sativa* var. *aurea* Koern. и *A. sativa* var. *mutica* Alef. из коллекции ВИР.

По результатам НМП у всех изученных разновидностей выявлено 330 компонентов, из которых идентифицировано 146. В метаболомных профилях (МП) зерновок *A. sativa aurea* преобладали свободные аминокислоты, в том числе непротеиногенные, амины и амиды, олигосахара, парафины, производные сахаров, фитостеролы; у зерновок *A. sativa inermis* – спирты, кислоты, свободные жирные кислоты; у зерновок *A. sativa mutica* – моносахара, ацилглицеролы, фенолсодержащие соединения. Достоверность отличий была подтверждена только для группы парафинов и моносахаров МП *A. sativa aurea* и *A. sativa inermis* соответственно.

Однофакторный дисперсионный анализ (ANOVA) выявил группу метаболитов, содержание которых достоверно различается в МП, у всех изученных разновидностей овса. С высокой степенью достоверности ($p < 0,05$) МП отличаются по способности накапливать молочную, янтарную, никотиновую, глутаминовую, кофейную кислоты, триптофан, α -аланин, этаноламин, эйкозан; средней ($p < 0,1$) – треонин, серин, валин, миоинозитол и сумму парафинов. Таким образом, зерновки разновидностей овса, различающиеся по наличию пленки и окраске цветковой чешуи (белой и желтой), также отличаются по интенсивности фотосинтеза, гликолиза, реакций цикла Кребса, синтеза молекул сигнальной системы растения и фитогормонов, метаболизму никотината и никотинамида, биосинтезу вторичных метаболитов, включая фенилпропаноиды, синтезу протеинов с определенным набором аминокислот, метаболизму глицерофосфолипидов, что влияет на возможность их адаптации к различным стрессам среды.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-00005, <https://rscf.ru/project/23-76-00005/>

ПРОГРАММА
IV НАУЧНОГО ФОРУМА
«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»

12 мая 2026 г. (вторник)

ПЛЕНАРНЫЕ ЗАСЕДАНИЯ ФОРУМА

Санкт-Петербургское отделение РАН, Большой зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Большой зал)
09.00-10.00	Регистрация участников
10.00-10.30	Открытие Форума
10.30-11.45	Пленарное заседание Модераторы - академик РАН Долженко В.И., член-корреспондент РАН Хлесткина Е.К.
10.30-10.55	Кочетов Алексей Владимирович , академик РАН, Федеральный исследовательский центр ИЦиГ СО РАН, «Биоресурсные коллекции как ключевой инструмент работы на примере ИЦиГ СО РАН»
10.55-11.20	Куцев Сергей Иванович , академик РАН, Медико- генетический научный центр РАН им. Н.П. Бочкова, «Всероссийская коллекция биологических образцов наследственных болезней в развитии диагностики и терапии орфанных заболеваний»
11.20-11.45	Яненко Александр Степанович , д.б.н., НИЦ Курчатовский институт, «Потенциал микробных генетических ресурсов в обеспечении технологического суверенитета и лидерства в ключевых отраслях экономики»
11.45-12.15	<i>Перерыв, кофе-брейк</i>
12.15-13.55	Пленарное заседание Модераторы - академик РАН Косолапов В.М., академик РАН Кочетов А.В.

Время	Мероприятие (Большой зал)
12.15-12.40	Беспалова Людмила Андреевна , академик РАН, Герой Труда России, Национальный центр зерна им. П.П. Лукьяненко, «Генетическое разнообразие в селекции обеспечивает высокую и стабильную урожайность в производстве»
12.40-13.05	Хлесткина Елена Константиновна , член-корреспондент РАН, Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Генетические ресурсы растений для биоэкономики и здорового долголетия»
13.05-13.30	Зиновьева Наталия Анатольевна , академик РАН, Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Стратегия сохранения генетических ресурсов сельскохозяйственных животных <i>ex situ</i> : первые итоги»
14.00-15.00	<i>Перерыв</i>
15.00-15.30	Постерная сессия
15.30-16.30	Пленарное заседание Модераторы - член-корреспондент РАН Чернецов Н.С., профессор РАН Нижников А.А.
15.30-15.50	Северинов Константин Викторович , д.б.н., ООО «Биотек Кампус», «Геномные исследования животных в ООО "Биотек Кампус"»
15.50-16.10	Куликовский Максим Сергеевич , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ПНЦБИ РАН, «Микробиологические и альгологические коллекции России: сохранение биологического разнообразия и использование в биоэкономике»
16.10-16.30	Логунов Дмитрий Викторович , к.б.н., Зоологический институт РАН, «Коллекция паукообразных и многоножек ЗИН РАН как ресурс для современных интегративных исследований»
16.30-17.10	Флэш-презентации молодых учёных I (по 3 минуты) Поротников Игорь Вадимович, ВИР, «CAPS маркеры для выявления аллелей гена <i>HvGA20ox2</i>, ассоциированного с высотой растений ячменя» Виролайнен Павел Алексеевич, СПбГУ, «Использование ресурсного потенциала Петергофской генетической коллекции штаммов <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> СПбГУ в изучении факторов транскрипции семейства GATA»

Время	Мероприятие (Большой зал)
16.30-17.10	<i>Продолжение:</i> • Рязанова Мария Константиновна, ВИР, «Генетическое разнообразие и молекулярная характеристика карликовых линий подсолнечника <i>Helianthus annuus</i> L. коллекции ВИР» • Козлова Александра Павловна, Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии, «Ризобиофаги агроценоза: геномные и биологические характеристики» • Османов Эльдар Нариманович, ВИР, «Разнообразие овса из Средиземноморского центра происхождения по устойчивости к мучнистой росе» • Иванкина Елизавета Александровна, ИМБ РАН, «Пангеномный анализ фитопатогена льна <i>Colletotrichum lini</i>» • Слободкина Анастасия Александровна, ВИР, «Разнообразие образцов льна из коллекции ВИР по устойчивости к ржавчине (<i>Melampsora lini</i> Pers.(Lew.)» • Крупская Даяна Александровна, ИМБ РАН, «Установление механизмов, лежащих в основе формирования качественного волокна и устойчивости к полеганию у льна (<i>Linum usitatissimum</i> L.)»
17.10-18.50	Пленарное заседание Модератор - член-корреспондент РАН Чернецов Н.С.
17.10-17.35	Нижников Антон Александрович, профессор РАН, СПбГУ, «Амилоиды растений: структура, функции и потенциал использования в качестве ингибиторов патологической агрегации белков млекопитающих»
17.35-18.00	Ямпольский Илья Викторович, д.х.н., Институт биоорганической химии имени М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, «Синтетическая биология мультигенных признаков на примере создания светящихся растений»
18.00-18.25	Афанасенко Ольга Сильвестровна, академик РАН, Всероссийский НИИ защиты растений, «Генетические ресурсы устойчивости растений к вредным организмам для биоэкономики»
18.25-18.50	Крутовский Константин Валерьевич, профессор, ИОГен РАН, «Дендрогеномика и прогностические модели генетической адаптации в контексте изменения климата - новые подходы для сохранения генетических ресурсов растений»
19.00-20.30	<i>Фуршет</i>

13 мая 2026 г. (среда)

ПЛЕНАРНЫЕ ЗАСЕДАНИЯ ФОРУМА

Санкт-Петербургское отделение РАН, Большой зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Большой зал)
09.30-11.50	Пленарное заседание Модераторы - академик РАН Афанасенко О.С., д.б.н. Цыганов В.Е.
09.30-09.50	Крестов Павел Витальевич , член-корреспондент РАН, Ботанический сад-институт ДВО РАН, «Коллекции растений и системы больших данных: от образца к новым знаниям»
09.50-11.50	Пленарная сессия "Сохранение биоразнообразия: стратегия сохранения в условиях меняющегося климата"
09.50-10.05	Рогозина Елена Вячеславовна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова «Генетические ресурсы коллекции ВИР для расширения возможностей отечественной селекции картофеля»
10.05-10.20	Логачева Мария Дмитриевна , к.б.н., Сколковский институт науки и технологии, «Инвазия гигантских борщевиков: исследование генетического разнообразия <i>Heracleum sosnowskyi</i> и родственных видов для уточнения межвидовых взаимосвязей и территориального распространения»
10.20-10.35	Гультяева Елена Ивановна , д.б.н., Всероссийский НИИ защиты растений, «Успехи и проблемы селекции мягкой пшеницы на устойчивость к ржавчинным болезням»
10.35-10.50	Абдуллаев Ренат Абдуллаевич , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Генетическое разнообразие ячменя по устойчивости к карликовой ржавчине»
10.50-11.05	Костылев Павел Иванович , д.б.н., СПбГУ, «Генофонд риса, устойчивого к длительному затоплению водой на ранних стадиях онтогенеза»
11.05-11.20	Боровичев Евгений Александрович , к.б.н., ФИЦ Кольский научный центр РАН, «Роль Полярно-альпийского ботанического сада-института КНЦ РАН в сохранении биологического разнообразия и генетических ресурсов»

Время	Мероприятие (Большой зал)
11.20-11.35	Карлов Денис Сергеевич , к.б.н., Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии, «Изучение биоразнообразия эндосимбиотических бактерий северных бобовых растений как основа сохранения и управления продуктивностью экосистем Арктики»
11.35-11.50	Крутикова Анна Алексеевна , к.б.н., СПбГУВМ, «Якутская, Холмогорская и Ярославская породы крупного рогатого скота как невозобновляемый генетический ресурс России: геномные маркеры холодоустойчивости и стратегия сохранения»
11.50-12.20	<i>Перерыв, кофе-брейк</i>
12.20-14.05	Пленарная сессия "Сохранение биоразнообразия: технологии сохранения генетических ресурсов" Модераторы - академик РАН Зиновьева Н.А., д.б.н. Родионов А.В.
12.20-12.35	Гавриленко Татьяна Андреевна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Развитие новых подходов к сохранению идентифицированного генофонда сортов вегетативно размножаемых культур – картофеля и малины»
12.35-12.50	Скапцов Михаил Викторович , к.б.н., Алтайский ГУ, «Проточная цитометрия растений в исследовании генетических коллекций: возможности, перспективы, проблемы»
12.50-13.05	Гнутиков Александр Александрович , Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «ДНК штрихкодирование нового поколения на основе NGS-секвенирования образцов из генетической коллекции ВИР имени Н.И. Вавилова – происхождение полиплоидов и гибридов культивируемых растений»
13.05-13.20	Дементьева Наталия Викторовна , к.б.н., ВНИИГРЖ - филиал ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Анализ полного генома выявляет закономерности генетического разнообразия пород кур»
13.20-13.35	Денискова Татьяна Евгеньевна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Оценка генетического разнообразия коз (<i>Capra hircus</i>) на основе анализа полных геномов»

Время	Мероприятие (Большой зал)
13.35-13.50	Харзинова Вероника Руслановна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Комплексная геномная характеристика малочисленной популяции домашнего северного оленя: основа сохранения генофонда»
13.50-14.05	Силюкова Юлия Леонидовна , к.б.н., ВНИИГРЖ - филиал ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Проблема сохранения гамет самок сельскохозяйственных птиц <i>in vitro</i> – клетки или ткани?»
14.05-14.20	Станишевская Ольга Игоревна , д.б.н., ВНИИГРЖ - филиал ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Трансгенерационный эффект криоконсервации семени птиц на развитие репродуктивных органов, тканей и гамет самцов (на примере <i>Gallus gallus domesticus</i>)»
14.20-15.00	<i>Перерыв</i>
15.00-15.30	Постерная сессия
15.30-17.00	Пленарный круглый стол "Правовые и этические вопросы деятельности с биологическими коллекциями и биологическими ресурсами" Модераторы – член-корреспондент РАН Хлесткина Е.К., Васенин С.С. <i>Спикеры и эксперты круглого стола:</i> Брызгалина Елена Владимировна, к.ф.н., Философский факультет МГУ им. М.В.Ломоносова Берг Людмила Николаевна, д.ю.н., Уральский государственный юридический университет им.В.Ф.Яковлева Васенин Сергей Сергеевич, НИЦ "Курчатовский институт" Гельтман Дмитрий Викторович, д.б.н., Ботанический институт РАН Глотов Андрей Сергеевич, д.б.н., НИИ АГиР им. Д.О. Отта Гринь Олег Сергеевич, Московский государственный юридический университет имени О.Е. Кутафина Зиновьева Наталия Анатольевна, академик РАН, Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста Михайлова Наталья Аркадьевна, д.б.н., Институт цитологии РАН Нижников Антон Александрович, профессор РАН, СПбГУ Чернецов Никита Севирович, член-корреспондент РАН, Зоологический институт РАН

Время	Мероприятие (Большой зал)
15.30-17.00	<i>Продолжение:</i> Чухина Ирена Георгиевна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова Щербакова Виктория Артуровна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ПНЦБИ РАН
17.00-18.30	Пленарная сессия "Гербарная и музейная геномика" Модераторы - д.б.н. Гельтман Д.В., к.б.н. Чухина И.Г.
17.00-17.15	Родионов Александр Викентьевич , д.б.н. Ботанический институт РАН, «ДНК штрихкодирование следующего поколения на основе NGS-секвенирования гербарных образцов и образцов из живой коллекции растений Ботанического сада Петра Великого»
17.15-17.30	Гавриленко Татьяна Андреевна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Генетическое разнообразие культивируемого картофеля на основе изучения полиморфизма хлоропластной ДНК образцов гербария ВИР и полевых генбанков»
17.30-17.45	Стариков Иван Юрьевич , к.б.н., Зоологический институт РАН, «Анализ митохондриального генома вымершего российского эндемика – стеллерава баклана <i>Urile perspicillatus</i> »
17.45-18.00	Абдельманова Александра Сергеевна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Археогенетика ярославского скота: анализ динамики генетических изменений»
18.00-18.15	Семилет Татьяна Вячеславовна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Коллекция генетических ресурсов растений в контексте палеогенетических исследований (на примере ячменя)»
18.15-18.30	Чухина Ирена Георгиевна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Гербарная ДНК: открылся ли "сундук сокровищ"»

Санкт-Петербургское отделение РАН, Малый зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Малый зал)
09.30-16.00	"Вопросы сохранения и изучения биоразнообразия: доклады учащихся"

14 мая 2026 г. (четверг)

ПЛЕНАРНЫЕ ЗАСЕДАНИЯ ФОРУМА

Санкт-Петербургское отделение РАН, Большой зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Большой зал)
09.30-11.00	Пленарная сессия "Генетические ресурсы для активного долголетия" Модераторы - д.б.н. Готов А.С., д.б.н. Михайлова Н.А.
09.30-09.45	Мешков Алексей Николаевич , д.м.н., «НМИЦ ТПМ» Минздрава России, «Исследования в области нарушений липидного обмена с использованием инфраструктуры биобанков и активное долголетие»
09.45-10.00	Ермоленко Елена Игоревна , д.м.н., ФГБНУ «ИЭМ», «Персонафицированная и таргетная микробная терапия невозможна без биобанкирования»
10.00-10.15	Скоблов Михаил Юрьевич , д.б.н., Медико-генетический научный центр РАН им. Н.П. Бочкова, «От генома до терапии: путь в десять тысяч часов»
10.15-10.30	Балан Ольга Викторовна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр КНЦ РАН, «mba-метилирование РНК в моноцитах при ревматоидном артрите: связь с ответом на терапию метотрексатом»
10.30-10.45	Цой Ульяна Александровна , к.м.н., Кафедра эндокринологии Института медицинского образования, «Возможности комплексного использования биоматериала из различных источников при изучении нейроэндокринных опухолей»
10.45-11.00	Комарова Евгения Михайловна , к.б.н., НИИ АГиР им. Д.О. Отта, «Роль криоконсервации гамет и эмбрионов в реализации репродуктивного потенциала человека»
11.00-11.30	Флэш-презентации молодых учёных II (по 3 минуты) • Баранова Елизавета Дмитриевна, КемГУ, «Характеристика кишечного микробиома больных колоректальным раком в западной Сибири» • Лебедева Дарья Ивановна, к.б.н., Карельский НЦ РАН, «Молекулярные исследования трематод рода <i>Diplostomum</i> von Nordmann, 1832 – паразитов со сложным жизненным циклом»

Время	Мероприятие (Большой зал)
11.00-11.30	<i>Продолжение:</i> • Фонова Елизавета Алексеевна, к.б.н., Томский НИМЦ, «Создание коллекции биоматериалов от пациентов с эпилептической энцефалопатией развития, обусловленной вариантами в гене <i>CHD2</i>» • Панкратова Софья Александровна, МГНЦ РАН, «Программа «Молекулярно-генетическая диагностика врожденного ихтиоза»: два года персонализированной помощи» • Ионова Софья Айдаровна, МГНЦ, «Клинико-генетическая диагностика различных форм альбинизма в Российской Федерации» • Чинаров Кирилл Юрьевич, СПбГУ, «Восстановление полногеномных данных при использовании локальных референсных панелей» • Шедова Екатерина Николаевна, Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Экзосомы фолликулярного происхождения повышают результативность получения эмбрионов крупного рогатого скота в условиях <i>in vitro</i>» • Владимирова Мария Евгеньевна, Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии, «phiLM21 подобные профаги как источник скрытого генетического потенциала <i>Sinorhizobium meliloti</i>»
11.30-12.00	<i>Перерыв, кофе-брейк</i>
12.00-12.30	Флэш-презентации молодых учёных III (по 3 минуты) • Прохоренко Наталья Ивановна, магистрант СПбГУ, «Протекторное действие антоциановой ржи в тест-системе <i>Drosophila melanogaster</i>» • Молобекова Камилла Ардаковна, ИЦиГ СО РАН, «Оценка функциональных свойств зерна антоцианово окрашенных голозерных пшенично-полбяных гибридов» • Рычалина Алёна Витальевна, СПбГУ, «Зерно сорта ржи Графиня демонстрирует высокий показатель антиокислительной способности и его большую внутрипопуляционную вариабельность»

Время	Мероприятие (Большой зал)
12.00-12.30	<i>Продолжение:</i> • Захарчевный Иван Григорьевич, аспирант ВИР, «Гены, участвующие в биосинтезе кумаринов донника (<i>Melilotus</i> Mill.): функциональные и прикладные аспекты» • Яжгур Александр Алексеевич, студент СПбПУ, «Создание векторной системы для проверки структуры модифицированного запасящего белка гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.)» • Кальнюк Юлия Витальевна, ИМБ РАН, «Кариогеномика <i>Salvia grandiflora</i> Etl.» • Аникина Дарья Сергеевна, РГАУ-МСХА, «Варьирование состава летучих компонентов в листьях отечественных сортов базилика (<i>Ocimum basilicum</i> L., <i>O. × citriodorum</i> Vis., <i>O. minimum</i> L.) в условиях сити-фермы и открытого грунта» • Черткова Наталья Григорьевна, СПбГУ, «ПЦР-анализ генов устойчивости к аноксии у селекционных линий риса»
12.30-13.30	Пленарная сессия "Генетические ресурсы для активного долголетия" Модераторы - д.б.н. Готов А.С., д.б.н. Михайлова Н.А.
12.30-12.45	Малашичева Анна Борисовна , д.б.н., Институт цитологии РАН, «Коллекции первичных культур клеток: банкирование, культивирование и применение генетических технологий для изучения патологий человека»
12.45-13.00	Кондратьева Екатерина Владимировна , к.м.н., Медико-генетический научный центр РАН им. Н.П. Бочкова, «ИПСК и базальные клетки легких в составе биобанка: платформа для моделирования и генетической коррекции наследственных заболеваний»
13.00-13.15	Леонова Елена Ивановна , к.б.н., СПбГУ, «Один пациент — одна модель: новая логика и стратегия персонализированной биомедицины»
13.15-13.30	Фетисова Светлана Григорьевна , к.б.н. «НМИЦ им. В.А. Алмазова» Минздрава России, «Особенности создания и использования биоресурсных коллекций при изучении врожденных заболеваний сердечно-сосудистой системы у детей»
13.30-14.00	Флэш-презентации молодых учёных IV (по 3 минуты)

Время	Мероприятие (Большой зал)
13.30-14.00	Флэш-презентации молодых учёных IV (по 3 минуты) • Гурина Алена Алексеевна, к.б.н., ВИР, «Биоинформатический подход к разработке маркеров генов устойчивости к фитофторозу для исследования генетических ресурсов картофеля» • Кржижановский Денис Александрович, СПБГАУ, «Оценка сортов картофеля на устойчивость к Y-вирусу картофеля и наличие ДНК-маркеров Ru-генов» • Иванова Екатерина Алексеевна, ВИР, «Поиск эффективных аллелей генов Rpi-blb1 и R8 у гибридов картофеля» • Бобров Владислав, Вавиловский университет, «Структурно-функциональная оценка миссенс-мутаций генов симбиоза сои» • Слепцов Тимур Степанович, аспирант ВИР, «Влияние предпосевной инокуляции препаратом Ультрастим на продуктивность сои в условиях центральной Якутии» • Саксаганская Алла Сергеевна, ВНИИСХМ, «Криптические (несимбиотические) плазмиды клубеньковых бактерий как привлекательная мишень для встраивания фагов» • Романова Елена Анатольевна, ВНИИГРЖ, «Идентификация позиционных кандидатных генов, связанных с формированием молочной железы коров айрширской породы»
14.00-15.00	<i>Перерыв</i>
15.00-15.30	Постерная сессия
15.30-17.45	Пленарная сессия "Генетические ресурсы для биоэкономики" Модераторы - д.б.н. Шмаков А.И., к.б.н. Ухатова Ю.В.
15.30-15.45	Лоскутов Игорь Градиславович , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Овес посевной, как объект биоэкономики Российской Федерации»
15.45-16.00	Сайнакова Анна Борисовна , к.с.-х.н., УрФАНИЦ УрО РАН, «Биоресурсные коллекции среднего Урала в обеспечении технологического суверенитета в сельском хозяйстве России»
16.00-16.15	Вишнякова Маргарита Афанасьевна , д.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Генетические ресурсы гуара: из нишевой культуры в лидеры рынка»

Время	Мероприятие (Большой зал)
16.15-16.30	Мироненко Ольга Николаевна , к.б.н., Алтайский ГУ, «Коллекции генетических ресурсов хмеля в системе отечественной селекции и питомниководства»
16.30-16.45	Бурляева Марина Олеговна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Питательные, фитохимические и антиоксидантные свойства проростков различных образцов маша (<i>Vigna radiata</i> (L.) Wilczek) из коллекции ВИР»
16.45-17.00	Курина Анастасия Борисовна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова, «Коллекция прянокусовых и лекарственных культур ВИР: современное состояние и потенциал»
17.00-17.15	Жебентяева Татьяна Николаевна , к.б.н., Университет штата Кентукки, «Геномные технологии для сохранения популяции каштана посевного <i>Castanea sativa</i> Mill.»
17.15-17.30	Павлова Ирина Александровна , к.б.н., НИЦ "Курчатовский институт" (КНИЦВиВ "Магарах"), «Сохранение генофонда винограда в системе <i>in vitro</i> »
17.30-17.45	Ткаченко Оксана Викторовна , к.б.н., Вавиловский университет, «Использование фитотронно-тепличного комплекса для изучения коллекций растений»

Санкт-Петербургское отделение РАН, Малый зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Малый зал)
09.30-11.00	"Вопросы сохранения и изучения биоразнообразия: экспедиции"

15 мая 2026 г. (пятница)

ПЛЕНАРНЫЕ ЗАСЕДАНИЯ ФОРУМА

Санкт-Петербургское отделение РАН, Большой зал

Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 5

Время	Мероприятие (Большой зал)
09.30-12.00	Пленарная сессия "Генетические ресурсы для биоэкономики" Модераторы - член-корреспондент РАН Хлесткина Е.К., к.б.н. Антонец К.С.
09.30-09.50	Цыганов Виктор Евгеньевич , д.б.н., ВНИИСХМ, «Сетевая биоресурсная коллекция в области генетических технологий для сельского хозяйства как источник генетических ресурсов микроорганизмов для развития биоэкономики в России»
09.50-10.05	Исаева Марина Петровна , к.б.н., ТИБОХ ДВО РАН, «Биоресурсный центр «Коллекция морских микроорганизмов ТИБОХ ДВО РАН» - научная платформа для изучения микробных генетических ресурсов океана и развития природоподобных технологий»
10.05-10.20	Антонец Кирилл Сергеевич , профессор, СПбГУ, «Пангеномный инструментарий для выявления генетических детерминантов хозяйственно-ценных свойств микроорганизмов»
10.20-10.35	Юрков Андрей Павлович , к.б.н., ВНИИСХМ, «Исследование полиморфизма грибов арбускулярной микоризы по симбиотической эффективности с применением омиксных технологий»
10.35-10.50	Фоменко Олег Юрьевич , к.б.н., Всероссийский научно-исследовательский институт молочной промышленности, «Роль коллекций микроорганизмов в промышленном производстве кисломолочных продуктов»
10.50-11.05	Волобуев Сергей Викторович , к.б.н., Ботанический институт РАН, «Гербарии грибов – молчаливое хранилище данных, сокровищница тайных знаний или необходимая точка отсчёта в современных исследованиях в микологии?»
11.05-11.20	Груздев Иван Викторович , к.б.н., ВНИИ сельскохозяйственной биотехнологии, «Опыт использования вируса мозаики лисохвоста (FoMV) для VIGS у пшеницы»

11.20-11.35	Сермягин Александр Александрович , к.с.-х.н., ВНИИГРЖ - филиал ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Идентификация SNP с компонентным составом молока коров в модельном стаде на основе методов BLUP и GWAS»
11.35-11.50	Сингина Галина Николаевна , к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Создание банка IVP эмбрионов и соматических клеток генофондных пород крупного рогатого скота»
11.50-12.05	Каменский Петр Андреевич , д.б.н., МГУ, «Генетические ресурсы для становления нового технологического уклада»
12.05-12.30	<i>Перерыв, кофе-брейк</i>
12.30-14.00	Пленарный круглый стол "Подготовка кадров для работы с биологическими коллекциями" Модераторы - профессор Каменский П.А., профессор РАН Нижников А.А. <i>Спикеры и эксперты круглого стола:</i> Нижников Антон Александрович, профессор РАН, СПбГУ Шмаков Александр Иванович, д.б.н., Алтайский ГУ Ухатова Юлия Васильевна, к.б.н., Федеральный исследовательский центр ВИР им. Н.И. Вавилова Глотов Андрей Сергеевич, д.б.н., НИИ АГиР им. Д.О. Отта Каменский Петр Андреевич, д.б.н., МГУ Куюкина Мария Станиславовна, д.б.н., Пермский ФИЦ УрО РАН Ершова Анастасия Игоревна, ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста Кольцова Анна Михайловна, к.б.н., Институт цитологии РАН Великомолова Юлия Борисовна, БГМУ Орлов Юрий Львович, д.б.н., ПМГУ им. И.М. Сеченова Голубкова Елена Валерьевна, к.б.н., СПбГУ
14.00-14.30	Подведение итогов, закрытие Форума

ПОСТЕРНЫЕ ДОКЛАДЫ

Номер в списке докладов соответствует номеру на стенде

1. Аникина Дарья Сергеевна, ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, «Варьирование состава летучих компонентов в листьях отечественных сортов базилика (*Ocimum basilicum* L., *O.* × *citriodorum* Vis., *O. minimum* L.) в условиях сити-фермы и открытого грунта»
2. Барабанов Иван Владимирович, ФГБНУ ФИЦ «Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова», «Анализ полиморфизма гена *Rosea1* (R2R3-MYB), контролирующего биосинтез антоцианов у львиного зева (*Antirrhinum majus* L.)»
3. Баранова Елизавета Дмитриевна, КемГУ, «Характеристика кишечного микробиома больных колоректальным раком в западной Сибири»
4. Бобров Владислав, Саратовский государственный университет генетики, биотехнологии и инженерии им. Н.И. Вавилова, «Структурно-функциональная оценка миссенс-мутаций генов симбиоза сои»
5. Васильева Татьяна Алексеевна, ФГБНУ "МГНЦ им. акад. Н.П. Бочкова", «Результаты применения целевой программы диагностики дисгенезов переднего отрезка глаза в ФГБНУ "МГНЦ"»
6. Виролайнен Павел Алексеевич, СПбГУ, «Использование ресурсного потенциала Петергофской генетической коллекции штаммов *Chlamydomonas reinhardtii* СПбГУ в изучении факторов транскрипции семейства GATA»
7. Владимирова Мария Евгеньевна, ФГБНУ ВНИИСХМ, «*phiLM21* подобные профаги как источник скрытого генетического потенциала *Sinorhizobium meliloti*»
8. Гарибян Цовинар Саркисовна, Всероссийский центр карантина растений, «Государственная коллекция фитопатогенных карантинных микроорганизмов ФГБУ «ВНИИКР» (ГКФКМ)»
9. Гурина Алёна Алексеевна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Биоинформатический подход к разработке маркеров генов устойчивости к фитофторозу для исследования генетических ресурсов картофеля»
10. Демидова Екатерина Николаевна, ВИР, «Разнообразие биологически активных веществ в семенах адзуки (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi) из коллекции ВИР»
11. Дорохович Вероника Александровна, ИМБ РАН, «Участие YB-1 в регуляции трансляции»

12. Захарчевный Иван Григорьевич, аспирант ВИР, «Гены, участвующие в биосинтезе кумаринов донника (*Melilotus* Mill.): функциональные и прикладные аспекты»
13. Иванкина Елизавета Александровна, ИМБ РАН, «Пангеномный анализ фитопатогена льна *Colletotrichum lini*»
14. Иванов Александр, ВИР, «Эффективность ISSR-маркеров для оценки генетического разнообразия травянистых пионов (*Paeonia* L.) коллекции ВИР»
15. Иванова Екатерина Алексеевна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Поиск эффективных аллелей генов Rpi-blb1 и R8 у гибридов картофеля»
16. Ионова Софья Айдаровна, ФГБНУ "МГНЦ", «Клинико-генетическая диагностика различных форм альбинизма в Российской Федерации»
17. Кальнюк Юлия Витальевна, Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, «Кариогеномика *Salvia grandiflora* Etl.»
18. Калякин Михаил Владимирович, Зоологический музей МГУ им. М.В. Ломоносова, «Современное состояние и перспективы оцифровки орнитологических коллекций России»
19. Кан Людмила Юрьевна, Федеральный научный центр овощеводства, «Генетическое разнообразие и биологические особенности межвидовых гибридов лука (*A. cepa* × *A. fistulosum*), установленные в результате цитологических исследований»
20. Карпова Наталья Сергеевна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Перспективы использования гербарной коллекции образцов вики (*Vicia* L.) с помощью молекулярно-генетических методов»
21. Кезля Елена Михайловна, Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, «Современные технологии биомониторинга поверхностных вод -проблемы и перспективы NGS подходов (на примере микроводорослей)»
22. Коваленко Татьяна Владимировна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Характеристика интродуцированного материала мягкой пшеницы по устойчивости к грибным болезням»
23. Козлова Александра Павловна, ФГБНУ ВНИИСХМ, «Ризобифаги агроценоза: геномные и биологические характеристики»

24. Кржижановский Денис Александрович, СПбГАУ, «Оценка сортов картофеля на устойчивость к Y-вирусу картофеля и наличие ДНК-маркеров Ry-генов»

25. Крупская Даяна Александровна, ИМБ РАН, «Установление механизмов, лежащих в основе формирования качественного волокна и устойчивости к полеганию у льна (*Linum usitatissimum* L.)»

26. Лебедева Дарья Ивановна, к.б.н., Карельский НЦ РАН, «Молекулярные исследования трематод рода *Diplostomum* von Nordmann, 1832 – паразитов со сложным жизненным циклом»

27. Локачук Марина Николаевна, СПбФ ФГАНУ «Научно-исследовательский институт хлебопекарной промышленности», «Оценка биоразнообразия заквасок для хлебопекарной промышленности Российской Федерации»

28. Ма Цзялу, Санкт-Петербургский государственный университет, «Изменения почвенного микробиома в пахотных почвах криолитозоны в связи с переходом их в залежное состояние (на примере Ямало-Ненецкого автономного округа)»

29. Матыс Ирина Станиславовна, РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», «Генетические ресурсы растений генного банка в Беларуси и их использование»

30. Межина Ксения Максимовна, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, «*In silico* анализ гена FaMYB5, регулирующего синтез лимонной кислоты в плодах земляники»

31. Минейкина Анна Игоревна, ФГБНУ Федеральный научный центр овощеводства, «Молекулярное маркирование S-локуса самонесовместимости у регенерантов капусты, полученных в культуре микроспор *in vitro*»

32. Миннихметова Алия Ильдусовна, ФГБОУ ВО БГМУ, «Технологии сохранения генетического материала при биобанкировании опухолевых образцов»

33. Молобекова Камилла Ардаковна, ФИЦ ИЦиГ СО РАН, «Оценка функциональных свойств зерна антоцианово окрашенных голозерных пшенично-полбяных гибридов»

34. Нигамадянов Айдар Рашитович, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Изменчивость коэффициента фотопериодической чувствительности (КФПЧ) у линий картирующей популяции льна»

35. Низамутдинов Тимур, СПбГУ, «Таксономический состав микробиома основных типов почв Ямало-Ненецкого автономного округа»

36. Никитина Вера Ивановна, Красноярский государственный аграрный факультет, «Перспективы селекции гречихи посевной для земледельческих зон Красноярского края»

37. Нурасов Рифат Исмандиярович, Казанский (Приволжский) федеральный университет, «Оценка геропротекторного потенциала цветнозерных сортов пшеницы татарской селекции как генетического ресурса для активного долголетия на модели *Drosophila melanogaster*»

38. Орлов Юрий Львович, Сеченовский Университет, «Цифровая кафедра Сеченовского Университета как образовательный проект по работе с базами данных и онлайн инструментами биоинформатики»

39. Османов Эльдар Нариманович, ВИР, «Разнообразие овса из Средиземноморского центра происхождения по устойчивости к мучнистой росе»

40. Панкратова Софья Александровна, ФГБНУ "МГНЦ", «Программа «Молекулярно-генетическая диагностика врожденного ихтиоза»: два года персонализированной помощи»

41. Панченко Ксения Владимировна, ФГБУ "ВНИИКР", «Формирование, пополнение и ведение исследовательской коллекции бактерий в научно-методическом отделе бактериологии ФГБУ "ВНИИКР"»

42. Попихина Мария Михайловна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Метод SDS электрофореза белков для изучения коллекций семян на примере самоопыляемых и перекрестноопыляемых видов донника с целью создания белковых паспортов»

43. Поротников Игорь Вадимович, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «CAPS маркеры для выявления аллелей гена *HvGA20ox2*, ассоциированного с высотой растений ячменя»

44. Прохоренко Наталья Ивановна, магистрант СПбГУ, «Протекторное действие антоциановой ржи в тест-системе *Drosophila melanogaster*»

45. Пюккенен Валентина Петровна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Характеристика новых рекомбинантных линий с большим числом зерновок от скрещивания тритикале с мягкой пшеницей»

46. Радченко Евгений Евгеньевич, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Генетическое разнообразие образцов ячменя из Афганистана по устойчивости к обыкновенной злаковой тле»

47. Раздувалова Софья Андреевна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Криоконсервация образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp.»

48. Романова Елена Анатольевна, ВНИИГРЖ - филиал ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Идентификация позиционных кандидатных генов, связанных с формированием молочной железы коров айрширской породы»

49. Рычалина Алёна Витальевна, Санкт-Петербургский государственный университет, «Зерно сорта ржи Графиня демонстрирует высокий показатель антиокислительной способности и его большую внутрипопуляционную вариабельность»

50. Рязанова Мария Константиновна, ВИР, «Генетическое разнообразие и молекулярная характеристика карликовых линий подсолнечника *Helianthus annuus* L. коллекции ВИР»

51. Саксаганская Алла Сергеевна, ВНИИСХМ, «Криптические (несимбиотические) плазмиды клубеньковых бактерий как привлекательная мишень для встраивания фагов»

52. Сковцова Елена Гамеровна, ФГБОУ ВО "Ярославский ГАУ", «Генетическая характеристика стад молочного скота Ярославской породы по индексу генетического сходства»

53. Слепцов Тимур Степанович, аспирант ВИР, «Влияние предпосевной инокуляции препаратом Ультрастим на продуктивность сои в условиях центральной Якутии»

54. Слободкина Анастасия Александровна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Разнообразие образцов льна из коллекции ВИР по устойчивости к ржавчине (*Melampsora lini* Pers.(Lew.))

55. Сухих Татьяна Валентиновна, Сибирский государственный университет науки и технологий имени академика М.Ф. Решетнёва, «Создание генетических паспортов коллекции сортов яблони (*Malus domestica* Borkh.) ботанического сада им. В.М. Крутовского»

56. Тырышкин Лев Геннадьевич, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, «Генетическое разнообразие зерновых злаковых культур по эффективной устойчивости к болезням»

57. Фонова Елизавета Алексеевна, к.б.н., Томский НИМЦ, «Создание коллекции биоматериалов от пациентов с эпилептической энцефалопатией развития, обусловленной вариантами в гене *CHD2*»
58. Чертова Наталья Григорьевна, СПбГУ, «ПЦР-анализ генов устойчивости к аноксии у селекционных линий риса»
59. Чинаров Кирилл Юрьевич, Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ им. Акад. Л.К. Эрнста, «Восстановление полногеномных данных при использования локальных референсных панелей»
60. Шедова Екатерина Николаевна, Федеральный исследовательский центр ВИЖ им. Л.К. Эрнста, «Экзосомы фолликулярного происхождения повышают результативность получения эмбрионов крупного рогатого скота в условиях *in vitro*»
61. Юсупова Елизавета Павловна, ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, «Оценка содержания алколоидов растений и микроклонов видов *Aristolochia*»
62. Яжгур Александр Алексеевич, СПбПУ, «Создание векторной системы для проверки структуры модифицированного запасющего белка гороха посевного (*Pisum sativum* L.)»
63. Яковлева Ольга Владимировна, ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова, «Изучение яровой мягкой пшеницы из Эфиопии к алюмотоксичности кислых почв»
64. Ялаев Булат Илдусович, ФГБУ «НМИЦ эндокринологии им. академика И.И. Дедова» Минздрава России, «Дифференциальная экспрессия микроРНК в мононуклеарах при остеопорозе: новые данные эпигенетики возрастассоциированного заболевания»



СБОРНИК ТЕЗИСОВ И НАУЧНАЯ ПРОГРАММА
IV НАУЧНОГО ФОРУМА
«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»

Издательство «Перо»

109052, Москва, Нижегородская ул., д. 29-33, стр. 15, ком. 536

Тел.: (495) 973-72-28, 665-34-36

Подписано к использованию 01.06.2026.

Объем 2,03 Мбайт. Электрон. текстовые дан. Заказ 578.