

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Ботанический институт им. В.Л. Комарова Российской академии наук
Совет молодых учёных БИН РАН
Научно-образовательный центр БИН РАН
Русское ботаническое общество

МАТЕРИАЛЫ

**V (XIII) Международной ботанической конференции
молодых учёных в Санкт-Петербурге**

25–29 апреля 2022 года



Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences (BIN RAS)
Council of Young Scientists of BIN RAS
Scientific Educational Center of BIN RAS
Russian Botanical Society

PROCEEDINGS

**of V (XIII) International Botanical Conference
of Young Scientists in Saint-Petersburg**

April 25th–29th, 2022

Санкт-Петербург
Saint Petersburg
2022

УДК 581: 582: 58.006: 502.75

Редакционная коллегия:

д.б.н. Гельтман Д. В. (председатель),
к.б.н. Волобуев С. В. (ответственный редактор),
к.б.н. Леострин А. В. (ответственный секретарь),
Большаков С. Ю., к.б.н. Гагарина Л. В., Дмитриева В. А., Домашкина В. В.,
Журбенко П. М., Золина А. А., Иванов С. Д., Карамышева А. В., Карсонова Д. Д.,
к.б.н. Кораблёв А. П., Любарова А. П., к.б.н. Медведева Н. А.,
к.б.н. Петрова Н. В., Рябуха У. А., к.б.н. Сазанова К. В.,
к.б.н. Сенник С. В., к.б.н. Смирнова С. В., к.б.н. Степанова А. В.

Материалы V (XIII) Международной ботанической конференции молодых учёных в Санкт-Петербурге (25–29 апреля 2022 года). СПб.: БИН РАН, 2022. 174 с.

В сборник материалов V (XIII) Международной ботанической конференции молодых учёных в Санкт-Петербурге включены тезисы докладов, представленные участниками конференции по 10 тематическим направлениям «Альгология», «Ботаническое ресурсоведение», «Геоботаника», «География высших растений», «Интродукция растений», «Клеточная и молекулярная биология и метаболизм растений и грибов», «Микология и лишенология», «Палеоботаника», «Систематика и филогения высших растений», «Структурная ботаника». Кроме того, в сборник включены материалы пленарных и секционных лекций, представленные приглашёнными ведущими специалистами по соответствующим областям исследований.

Proceedings of V (XIII) International Botanical Conference of Young Scientists in Saint-Petersburg (April 25th–29th, 2022). Saint Petersburg, Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, 2022. 174 p.

ISBN 978-5-7629-3012-3

© Коллектив авторов, 2022
© Совет молодых учёных БИН РАН

Рандомизация положения растений относительно вектора силы тяжести как методический подход для изучения роста и развития растений в условиях микрогравитации
Plant position randomization relative to gravity factor as a methodological approach to study plant growth and development in microgravity conditions

Уткин А.Д.¹, Попова В.В.¹, Пожванов Г.А.^{1,2}, Билова Т.Е.¹, Васильев А.С.³, Шарова Е.И.¹, Фролов А.А.¹, Смоликова Г.Н.¹, Медведев С.С.¹

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия;

²Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт Петербург, Россия;

³Национальный исследовательский университет ИТМО, Санкт Петербург, Россия
st096318@student.spbu.ru

Наземные растения в течение длительного периода эволюции хорошо приспособились к гравитационным условиям Земли и используют вектор силы тяжести как надежный ориентир и главную ось, относительно которой строится и функционирует организм (Hudson, 2000; Медведев, 2012, 2013). Для изучения роли силы тяжести в физиологии растительного организма уникальную возможность дает космическая биология, позволяющая выявить влияние на растения условий микрогравитации (Paul et al., 2017; Kamal et al., 2019; Kruse et al., 2020; Kordyum, Hasenstein, 2021; Basu et al., 2022). Однако эксперименты, проведенные на МКС, показали, что в условиях космического полета невозможно выявить влияние самой микрогравитации, поскольку помимо нее на растения одновременно действуют также и другие факторы: высокое содержание этилена, отсутствие конвекции, космическая радиация и др. (Vandenbrink, Kiss, 2016). На Земле эффекты микрогравитации позволяет моделировать рандомизация вектора силы тяжести с помощью 3-D-клиноостатирования, когда растения лишены возможности воспринимать гравитационный стимул из-за постоянного изменения их положения в пространстве (Zhang et al., 2022). В нашей группе в течение многих лет изучаются механизмы роста и развития растений (капуста, рапс, арабидопсис) в условиях клиноостатирования (Пожванов и др, 2016, 2017; Frolov et al., 2018; Chantseva et al., 2019, Pozhvanov et al., 2021). Недавно нами была сконструирована модель устройства случайного позиционирования (random positioning machines, RPM), которая позволяет рандомизировать положение объектов относительно вектора силы тяжести путем их постоянного вращения во взаимно перпендикулярных осях со случайно изменяющейся скоростью и направления вращения. В докладе будут обсуждаться особенности выращивания растений с использованием RPM.

Работа выполняется за счет гранта РФФИ № 20-04-01041 с использованием оборудования РЦ Научного парка СПбГУ «Развитие клеточных и молекулярных технологий».

Идентификация генов флавиносодержащих монооксигеназ (FMO) в геноме чеснока *Allium sativum* L. и их роль в ответе на заражение *Fusarium proliferatum*

Genome-wide identification of flavin-containing monooxygenase (FMO) genes in garlic *Allium sativum* L. and their role in response to *Fusarium proliferatum* infection

Филюшин М.А., Анисимова О.К.

Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН, Москва, Россия

michel7753@mail.ru

Флавиносодержащие монооксигеназы (FMO) осуществляют реакцию оксигенации – важного этапа биосинтеза гормонов, гликозидов и других веществ, участвующих в сигнальных путях и ответе на стресс. Отличительной чертой чеснока является биосинтез сераорганических соединений, прежде всего аллиина, образующегося в результате оксигенации S-аллилцистеина флавиносодержащими монооксигеназами. К настоящему времени у чеснока идентифицирован и описан только один ген семейства FMO, продукт которого участвует в синтезе аллиина в листьях. В данной работе проведена идентификация и характеристика всех генов семейства FMO в геноме чеснока *Allium sativum* L., определены профили их экспрессии в ответ на заражение грибом *Fusarium proliferatum* Nirenberg ex Gerlach & Nirenberg.

Всего в геноме чеснока идентифицировано 39 генов семейства FMO. В белках AsFMOs определены основные домены и мотивы. Филогенетический анализ выявил разделение AsFMOs на три клады. Экспрессия большинства генов AsFMO выражена в ложном стебле и листьях чеснока. В цветках наиболее выражена экспрессия генов AsFMO6, AsFMO11 и AsFMO35. В корнях значимая экспрессия выявлена только генов AsFMO6, AsFMO11, AsFMO18 и AsFMO35.

В корнях сортов чеснока Сармат и Стрелец, контрастных по устойчивости к фузариозной гнили, определены профили экспрессии генов AsFMO6, AsFMO11, AsFMO18 и AsFMO35 через 24 и 96 часов