



Международная научная
конференция студентов,
аспирантов и молодых
учёных «Ломоносов-2021»

Секция «Биология»

Подсекция «Физиология растений»

Тезисы принятых заявок участников

*Тезисы сгруппированы в алфавитном порядке по фамилии первого автора.
Данный файл не является официальным сборником тезисов
конференции!*

Изменение содержания H₂O₂ и транскрипционной активности гена ингибитора протеазы в растениях картофеля при обработке бактериями *Bacillus subtilis* и сигнальными молекулами

Научный руководитель – Яруллина Любовь Георгиевна

Абдуллина Лидия Даниловна

Студент (магистр)

Башкирский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра биохимии и биотехнологии, Уфа, Россия

E-mail: lidiya.abdullina.98@mail.ru

В современных условиях высокой антропогенной нагрузки на агроэкосистемы остро встает вопрос экологически безопасного растениеводства, требующего новых подходов к защите растений от патогенов. Большое значение в повышении устойчивости растений к патогенам отводят ризобактериям, регулирующим рост растений (plant growth promoting rhizobacteria, PGPR). Большинство из них запускают каскад защитных реакций в растительных тканях за счёт выработки различных метаболитов [1]. Салициловая кислота (СК) и жасмоновая кислота (ЖК) являются эндогенными сигнальными молекулами, механизм защитного действия которых связан с индукцией АФК в растительных тканях. Эти вещества, сами не обладая антимикробной активностью, стимулируют защитные реакции клеток растений посредством активации синтеза ряда связанных с патогенезом белков, в том числе и ингибиторов гидролаз патогенов [2].

Цель исследования - изучение влияния бактерий *Bacillus subtilis*, СК и ЖК на содержание H₂O₂ и экспрессию гена ингибитора протеазы в растениях картофеля в связи с устойчивостью к возбудителю фитофтороза - оомицету *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary.

Объектом исследований были растения картофеля сорта Ранняя Роза, выросшие из микроклубней. Часть растений через 15 сут после посадки обрабатывали суспензией бактерий штаммов *Bacillus subtilis* 26Д и 11ВМ, СК или ЖК. Через 5 дней растения инфицировали нанесением 5 мл суспензии (10⁵ спор/мл) *P. infestans*.

Развитие болезни наблюдали в течение 5 сут и оценивали по степени пораженности листа. Исследования показали, что степень пораженности листьев картофеля через 5 сут после инокуляции *P. infestans* в контрольном варианте составляла 84,1±7.0%. На обработанных растениях наблюдалось снижение степени развития симптомов заболевания фитофторозом: в вариантах опыта с СК до 68±6.7, с ЖК - до 40.5±3.5%, а с обработкой штаммами *B. subtilis* 26Д и 11ВД - до 45,1±2.8 и 49,8±2.8% соответственно. Полученные результаты показали, что все исследуемые соединения повышали устойчивость растительных тканей к инфицированию возбудителем фитофтороза, но в различной степени. Обработка *B. subtilis*, СК, ЖК и повышали уровень H₂O₂ в растениях картофеля и оказывали стимулирующее действие на транскрипционную активность гена ингибитора протеиназы в зараженных растениях картофеля. Полученные данные позволяют говорить о том, что активация синтеза защитных белков в тканях растений картофеля под воздействием исследуемых соединений может служить одним из факторов формирования их устойчивости к *P. infestans*, в том числе через усиление продукции H₂O₂.

Источники и литература

- 1) Cawoy H., Mariutto M., Henry G, Fisher C., Vasilyeva N., Thonart P., Dommes J., Ongena M. Plant defense stimulation by natural isolates of bacillus depends on efficient surfactin production // Molecular Plant-Microbe Interactions. 2014. V. 27. N. 2. P. 87-100.

- 2) Тарчевский И. А. Сигнальные системы растений. М.: Наука, 2002. 294 с.

Действие солевого стресса на функционирование дегидратазы дигидроксикислот в листьях кукурузы (*Zea mays* L.)

Научный руководитель – Епринцев Александр Трофимович

Анохина Г.Б.¹, Автореева Е.Л.²

1 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail: dowi2009@mail.ru; 2 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail: evgeniaavtoreeva@mail.ru

Растительные организмы нередко подвергаются влиянию абиотических стрессовых факторов и наиболее распространенным из них является солевой стресс. Влияние засоления, вызванного хлоридом натрия, недостаточно исследовано. Рост растений в таких условиях приводит к физиологическому стрессу, который нарушает основные биохимические процессы дыхания, фотосинтеза и транспирации.

Целью работы являлось исследование воздействия солевого стресса на функционирование дегидратазы дигидроксикислот (оксидитриптаза декарбоксилирующая, (ОД, КФ 4.2.1.9.)) в зеленых листьях кукурузы. В качестве объекта использовали листья (10 дн.) кукурузы сорта Воронежская-76, выращенной гидропонно при 10-часовом световом дне. Постановка эксперимента осуществлялась путём помещения растений из опытной группы, с предварительно удаленной корневой системой, в 150 мМ раствор NaCl на 24 ч. В качестве контроля использовались растения, инкубация которых осуществлялась в воде в течении всего времени эксперимента.

Исследования ферментативной активности ОД в листьях кукурузы в первые часы эксперимента показали первоначальное падение активности почти в 2,5 раза в сравнении с значениями, отмеченными в начале эксперимента, сменяющееся в дальнейшем увеличением значений общей ферментативной активности. Максимум отмечен на 6 час эксперимента - значения общей ферментативной активности превышают значения, характерные для контрольной группы растений, в 2 раза.

Солевой стресс вызывает увеличение количества транскриптов гена *ddha-1* начиная уже с 3 часа инкубации растений в растворе хлорида натрия и к 6 часу достигает своего пика, превышая значения контрольной группы в 2 раза.

Следует отметить, что солевой стресс вызывает также увеличение относительного уровня транскриптов гена *ddha-2* в 2 раза начиная уже с первого часа эксперимента. Концентрация мРНК в опытной группе растений остается выше значений, отмеченных для контрольной группы растений, достигая максимума к 3 часу эксперимента (увеличение значений в 2,5 раза).

Таким образом, исследование влияния солевого стресса на функционирование ОД позволило установить, что солевой стресс оказывает стимулирующее влияние на активность данного фермента, что в целом согласуется с литературными данными [1]. Отмечено, что солевой стресс активизирует транскрипцию генов *ddha-1* и *ddha-2*, что говорит о ключевой роли генетического аппарата в адаптивной реакции растительного организма к солевому стрессу и поддержании осмотического гомеостаза клетки.

Источники и литература

- 1) Zhang, C.; Pang, Q.; Jiang, L.; Wang, S.; Yan, X.; Chen, S.; He, Y. Dihydroxyacid dehydratase is important for gametophyte development and disruption causes increased susceptibility to salinity stress in Arabidopsis // J. Exp. Bot. 2015, V.66, pp. 879-888

Влияние ауксина на скорость роста боковых корней *A. thaliana*

Научный руководитель – Бибикова Татьяна Николаевна

Бедарев В.А.¹, Кривобок А.С.², Коновалова И.О.³, Куделина Т.Н.⁴

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия, *E-mail: vladislav290@yandex.ru*; 2 - Государственный научный центр Российской Федерации – Институт медико-биологических проблем РАН, Москва, Россия, *E-mail: nuxin@yandex.ru*; 3 - Институт медико-биологических проблем РАН, Москва, Россия, *E-mail: pet-nelli@yandex.ru*; 4 - Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра биохимии, Минск, Беларусь, *E-mail: 10tan10@mail.ru*

Боковые корни (БК) ответственны за формирование разветвленной корневой сети, а значит, определяют потенциал растения как в поиске и потреблении ресурсов, так и в механическом креплении в почве. На предыдущем этапе работы нами было проведено исследование развития клеточной структуры и ростовой активности БК *A. thaliana* длиной до 70 мм [1, 2]. Совокупный анализ данных относительно строения, скорости роста, пространственной ориентации и клеточной структуры БК *A. thaliana* позволяет выделить 7 физиологически различных стадий развития БК, где 7ая стадия соответствует стационарной фазе роста БК.

Физиологические отклики молодых и более зрелых БК на действие гормонов или внешних факторов представляют особенный интерес. Опираясь на данные о стадиях развития БК, нам удалось провести комплексное исследование влияния ауксина на БК различных стадий развития. Мы обнаружили, что самый высокий уровень экспрессии генов ауксинового ответа наблюдается в маленьких корнях сразу после прорезывания БК из главного корня. Быстрое затухание экспрессии происходит вплоть до 5ой стадии развития. Таким образом, высокая скорость роста БК и активное развитие их клеточной структуры происходит на фоне спада экспрессии генов ауксинового ответа, а минимальные значения экспрессии соответствуют стационарной фазе роста БК. В ряде экспериментов, моделирующих изменение концентрации ауксина в БК, нами было показано, что отклик БК на действие ауксина определяется как его стадией развития, так и действующей концентрацией гормона. Боковые корни до 3 стадии развития устойчивы к воздействию ауксина в диапазоне концентраций до 1000 нМ. Боковые корни 4 стадии могут ускорять рост при экзогенном воздействии ауксина в концентрации до 10 нМ. Начиная с 5ой стадии чувствительность БК к ингибирующему воздействию ауксина резко возрастает. На 5, 6, и 7 стадиях рост БК ингибируется уже при воздействии ауксина в концентрации 100 нМ, а на 7 стадии (в стационарной фазе роста) — при воздействии ауксина от 10 нМ и выше. Представленные данные подтверждают принципиальные отличия в регуляции роста БК, находящихся на различных этапах своего развития. Это позволяет внести ясность в интерпретацию уже имеющихся в литературе данных о БК и открывает новую область исследований — регуляцию роста зрелых БК, имеющих измененный по отношению к молодым гормональный фон и стабильную клеточную структуру.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ Бел_мол_а 19-54-04015 и Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований Б19PM-065.

Источники и литература

- 1) Кривобок А.С. и др. Развитие боковых корней *Arabidopsis thaliana* l. на ювенильном этапе жизни растения. В книге: Молодежь в науке - 2020. Тезисы докладов XVII Международной научной конференции. Редколлегия: В.Г. Гусаков (гл. ред.) [и др.]. 2020. С. 134-135.

- 2) Куделина Т. Н. и др. Особенности фотоморфогенеза *Arabidopsis thaliana* в условиях LED-освещения различного спектрального состава // Вест. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. биол. наук. 2021, Т. 66, № 1, С. 42–52.

Влияние голодания по N, P, Mg, S и Fe на накопление крахмала и триацилглицеринов у штаммов зеленых микроводорослей *Neochlorella semenenkovii* IPPAS C-1210, *Nannochloris* sp. IPPAS C-1509 и *Coelastrella* sp. IPPAS H-626

Научный руководитель – Синетова Мария Андреевна

Бобровникова Лидия Александровна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биотехнологический факультет, Москва, Россия

E-mail: lidia.bo@yahoo.com

Микроводоросли имеют огромный потенциал для применения в таких областях промышленности, как сельское хозяйство, энергетика, пищевая промышленность и фармацевтика. Изучение метаболических путей и механизмов их регуляции является ключевым направлением в оптимизации получения биотехнологических продуктов биосинтеза микроводорослей как в лаборатории, так и в промышленных масштабах.

В рамках этой работы была исследована динамика накопления крахмала и триацилглицеринов (ТАГ) трех штаммов зеленых микроводорослей (*Neochlorella semenenkovii* IPPAS C-1210, *Nannochloris* sp. IPPAS C-1509 и *Coelastrella* sp. IPPAS H-626) при росте в периодической культуре на полной среде и в условиях голодания по различным элементам (N, P, Mg, S, Fe).

Исключение любого из пяти элементов приводило к замедлению роста у всех исследуемых штаммов. Все типы голодания в начале роста индуцировали накопление крахмала, однако при последующем росте его содержание в клетках уменьшалось, что может свидетельствовать о переключении на синтез ТАГ, однако при голодании по магнию у штаммов IPPAS C-1210 и IPPAS C-1509, а также у части клеток штамма IPPAS H-626 накопление крахмала не прекращалось и при последующем росте. При оценке содержания общих липидов и крахмала в расчете на единицу сухой массы было установлено, что наибольшее содержание липидов и наименьшее содержание крахмала отмечается при голодании по азоту. Напротив, наименьшее содержание липидов и наибольшее содержание крахмала было обнаружено при голодании по магнию. Активно растущие культуры на полной среде содержали минимальное количество запасных продуктов, тогда как в стационарной фазе штаммы отличались по основному запасному продукту: штаммы IPPAS C-1210 и IPPAS C-1509 накапливали преимущественно липиды, тогда как штамм IPPAS H-626 - преимущественно крахмал.

Мы считаем, что полученные нами данные могут помочь в дальнейших исследованиях регуляции метаболизма крахмала и липидов у микроводорослей.

Работа выполнена на базе УНУ "Коллекция микроводорослей и цианобактерий IPPAS" ИФР РАН. Биохимический анализ проведен при поддержке гранта Российского научного фонда № 20-14-00280.

**Универсальные стрессовые белки в регуляции перехода к цветению у
*Arabidopsis thaliana***

Научный руководитель – Кузнецов Владимир Васильевич

Горшкова Дарья Сергеевна

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии растений, Москва, Россия

E-mail: stanisa-2002@yandex.ru

В настоящее время для *Arabidopsis thaliana* описан ряд белковых регуляторов с плейотропной функцией, контролирующих рост и развитие растения на разных стадиях. Одним из таких регуляторов может быть представитель семейства универсальных стрессовых белков (Universal Stress Proteins, USP), кодируемый геном *At3g58450*. Ранее нами было показано, что этот белок участвует в фитогормон-зависимой регуляции прорастания, воздействуя на соотношение сигналов абсцизовой кислоты (АБК) и гиббереллинов (ГК). В то же время для трансгенной линии со сниженной экспрессией этого гена характерно отставание при переходе к цветению, которое не исчезает при обработке ГК. Поскольку у *Arabidopsis* помимо гормонального пути индукции цветения описан ряд других путей, среди которых выделяют фотопериодический, вернализацию, автономный и др., целью данного исследования является анализ всех основных путей перехода к цветению и поиск возможной роли USP-белка *AT3G58450* в этом процессе.

Нами было проанализировано поведение трансгенных линий со сниженной экспрессией гена *At3g58450* в различных условиях, влияющих на переход к цветению: при индуктивном и неиндуктивном фотопериоде (длинный день, ДД, 16/8 часов света/темноты - индуктивный фотопериод; короткий день, КД, 8/16 часов света/темноты - неиндуктивный фотопериод), при обработке ГК, под действием вернализации (выдерживание набухающих семян при +4°C в течение 1 месяца). Обнаружено, что отставание в переходе к цветению на 7-10 дней от дикого типа сохраняется в любых индуктивных условиях, а в неиндуктивных разница возрастает до 1 месяца. Это сопровождается более медленным ростом и откладыванием листьев у трансгенных линий по сравнению с диким типом. Экспрессия ключевых регуляторов, задействованных в основных сигнальных путях перехода к цветению (*FT*, *SOC1*, *FCA*, *SPL9*), снижена по сравнению с диким типом, как и экспрессия генов биосинтеза ГК. При этом экспрессия негативного регулятора цветения *FLC*, напротив, повышена у трансгенных линий по сравнению с диким типом.

Таким образом, наблюдаемая нами ранее сниженная чувствительность к ГК при переходе к цветению - частный случай общего фенотипа отставания в развитии. Трансгенные линии со сниженной экспрессией гена *At3g58450* развиваются медленней по сравнению с диким типом и характеризуются увеличенной вегетативной стадией с более поздним переходом к цветению. Поскольку аналогичные процессы отставания в развитии наблюдались нами ранее при прорастании, мы предполагаем, что в случае перехода к цветению действует сходный механизм, предположительно связанный с контролем сигнала АБК и соотношения его с другими сигнальными путями.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ «Аспиранты» № 19-34-90017.

**Ответная реакция растений ячменя на повышение содержания цинка в
корнеобитаемой среде**

Научный руководитель – Марковская Евгения Фёдоровна

Задворная Ангелина Константиновна

Студент (магистр)

Петрозаводский государственный университет, Эколого-биологический факультет,
Петрозаводск, Россия

E-mail: angelinajang98@gmail.com

В условиях лабораторного опыта изучена ответная реакция ячменя обыкновенного (*Hordeum vulgare* L.) сорта Нур на повышение концентрации цинка (1, 2.5 и 5 мМ) в корнеобитаемой среде. Растения выращивались в песке при температуре 22°C, относительной влажности воздуха 60-70%, ФАР 100 мкмоль/(м²•с), 14-часовом фотопериоде. Полив осуществлялся питательным раствором Хогланда-Арнона с оптимальным (2 мкМ) содержанием цинка и его высокими концентрациями: 1, 2.5 и 5 мМ. Ответную реакцию растений на воздействие избытка цинка определяли на основании отклонения от контроля ряда показателей роста (длина корня, высота побега, площадь 2-го листа), фотосинтетического аппарата (скорость фотосинтеза, содержание фотосинтетических пигментов, квантовая эффективность фотосистемы II) и водного обмена (устычная проводимость, интенсивность транспирации, оводненность тканей корня и побега).

Обнаружено, что концентрация цинка 1 мМ не оказывала влияния на рост ячменя, значимого уменьшения (по сравнению с контролем) длины корня и высоты побега не наблюдалось. Однако дальнейшее повышение концентрации металла до 2.5 и 5 мМ вызывало торможение роста корня. При этом высота побега оставалась на уровне контроля. Площадь листа также сохранялась неизменной даже при наиболее высокой концентрации металла, что важно для сохранения активности фотосинтетического аппарата в неблагоприятных условиях внешней среды. Не было выявлено и отрицательного воздействия цинка в изученных концентрациях на скорость фотосинтеза, чему во многом способствовало сохранение относительно высокого содержания хлорофиллов и каротиноидов, а также поддержание на уровне контроля квантовой эффективности фотосистемы II (определяемой по величине показателя Fv/Fm).

Известно, что обязательным условием нормального роста и развития растений в стрессовых условиях является сохранение в клетках и тканях определенного уровня водного баланса. В наших опытах при всех изученных концентрациях цинка устьичная проводимость и интенсивность транспирации у растений заметно снижались (по сравнению с контролем), причем практически в равной мере, свидетельствуя о частичном закрытии устьичной щели. Полагают, что закрытие устьиц и снижение интенсивности транспирации является адаптационным механизмом, направленным на сохранение оводненности тканей при воздействии стресс-факторов. Это подтвердили и наши исследования: оводненность тканей корня и побега растений ячменя сохранялась на уровне контроля даже при наибольшей из изученных концентраций цинка.

Полученные результаты свидетельствуют о высокой устойчивости ячменя с. Нур к высоким концентрациям цинка в корнеобитаемой среде. Этому способствует поддержание высокой активности фотосинтетического аппарата, адаптационные изменения в устьичном аппарате и снижение интенсивности транспирации, что позволяет сохранять необходимую оводненность тканей.

Примечание. Выражаю благодарность своему научному руководителю д.б.н. Марковской Е.Ф. и научному консультанту д.б.н. Казниной Н.М.

Флавоноиды растений рода *Serratula* L. (Asteraceae), интродуцированных в Сибирском ботаническом саду

Научный руководитель – Зибарева Лариса Николаевна

Казанцева Дарья Игоревна

Студент (магистр)

Национальный исследовательский Томский государственный университет, Институт биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства, Томск, Россия

E-mail: da46611@gmail.com

Вопрос о роли вторичных метаболитов в жизнедеятельности растений является наиболее сложным и принципиально важным для физиологии растений. Флавоноиды имеют широкий диапазон биологического действия на млекопитающих, в том числе, противовоспалительное, антиканцерогенное, противомикробное и противоаллергическое [1]. В некоторых видах *Serratula* выявлены флавоноиды - лютеолин, кверцетин, кемпферол, их производные и др. [2]. Поэтому поиск источников этих биологически активных веществ (БАВ) растений, выявление фазы их максимального аккумуляирования, является актуальным.

Настоящая работа посвящена изучению состава, содержания и сезонной динамики флавоноидов в некоторых видах рода *Serratula* (Asteraceae): *S. cupuliformis* Nakai & Kitag., *S. gmelinii* Tausch и *S. manshurica* Kitag., интродуцированных в Сибирском ботаническом саду ТГУ.

Установлен состав флавоноидов с помощью обращенно-фазовой высокоэффективной жидкостной хроматографии, путем сравнения характеристик компонентов и стандартов (Sigma-Aldrich, Lachema; чистота $\geq 95,0\%$). Идентифицированы кверцетин и апигенин в растениях *S. manshurica*, впервые изокверцитрин, апигенин и кверцетин - в *S. cupuliformis*, и изокверцитрин - в *S. gmelinii*, также выявлен ряд неидентифицированных соединений, имеющих максимумы поглощения, свойственные флавоноидам (255/357 нм и 252/365 нм).

Сравнительный анализ содержания флавоноидов показал, что растения *S. gmelinii* обладают наименьшей способностью к накоплению и синтезу флавоноидов, по сравнению с видами *S. manshurica* и *S. cupuliformis* и имеют пик накопления флавоноидов в фазу бутонизации, как и *S. manshurica*. Показано, что максимум содержания БАВ в *S. cupuliformis* наблюдается в начале вегетации - 13,2%. Наибольшее разнообразие состава отмечено в *S. cupuliformis* - 23 флавоноида, наименьшее у *S. gmelinii* - 8. Растения вида *S. manshurica* отличаются наличием 8 флавоноидов, присутствующих в течение всего процесса вегетации, в то время как в *S. cupuliformis* их 6, а у *S. gmelinii* - 1. По-видимому, способность максимального накопления флавоноидов в ранние стадии вегетации является особенностью метаболизма растений рода *Serratula*, свидетельствующей о проявлении наибольшей защитной функции в этот период развития.

Таким образом, изокверцитрин, ранее не выявленный в растениях рода *Serratula*, идентифицирован в растениях *S. cupuliformis* и *S. gmelinii*, кверцетин и апигенин - в *S. manshurica* и *S. cupuliformis*, также выявлен ряд неидентифицированных флавоноидов. Впервые изучена сезонная динамика накопления флавоноидов у *S. cupuliformis*, *S. gmelinii* и *S. manshurica*, максимальное содержание отмечено в фазы активного роста растений. Установлено, что *S. cupuliformis* является наиболее перспективным видом по составу и содержанию флавоноидов.

Источники и литература

- 1) Тараховский Ю. С. Флавоноиды: биохимия, биофизика, медицина. Пуцино, 2013.

- 2) Мягчилов А. В. Флавоноиды *Serratula komarovii* Пјин (Семейство Asteraceae) // Химия растительного сырья, 2020, №1. С. 141–148.

Влияние оксида цинка на морфофизиологические признаки и транскрипционную активность генов окислительного стресса у проростков ячменя

Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович

Касьянова Александра Михайловна

Студент (магистр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: gubaydullina.s@mail.ru

На сегодняшний день загрязнение почв тяжёлыми металлами представляет серьёзную проблему для растениеводства. Цинк относится к классу тяжёлых металлов, которые не поддаются биологическому разложению и остаются в окружающей среде на протяжении тысячелетий. В микроконцентрациях Zn в растениях участвует в нормальном росте и развитии растений. Однако в больших концентрациях он может привести к избыточному производству активных форм кислорода, которые вызывают окислительное повреждение растений. Избыток тяжёлых металлов приводит как к снижению продуктивности растений, так и к токсическому воздействию на человека. В этой связи, целью данной работы является анализ влияния оксида цинка на ростовые показатели и активность генов окислительного стресса у проростков ячменя (*Hordeum vulgare L.*).

Объектом исследования служили девятидневные проростки ячменя (*Hordeum vulgare L.*) сорта Медикум 157 ОС. Семена проращивали в воде (контроль), и с добавлением оксида цинка в двух концентрациях 300 и 2000 мг/л. Исследовали влияние ZnO на корни и листья ячменя. Для определения ростовых показателей проростков, помещали растения в сушильный шкаф на 48 часов при температуре 105 °С. По прошествии этапа сушки, измеряли сухую массу и длину корней и листьев ростков. Экспрессию генов окислительного стресса *HvSodA1*, *HvSodB*, *HvGR*, *HvGST1*, *HvGST6*, *HvCat1*, *HvCat2*, *HvApk1* определяли в листьях и корнях проростков с помощью метода ОТ-ПЦР в режиме реального времени. При анализе уровня относительной экспрессии ($\Delta\Delta Ct$ метод) в качестве референсного гена использовали *b-tubulin*.

В результате исследования было выявлено, что различные концентрации ZnO в равной степени повлияли на снижение сухой массы и длины корешков ячменя на 30-35 %. В то же время, ростовые показатели в листьях не различались относительно контрольных значений. В листьях растений экспрессия генов окислительного стресса в присутствии ZnO (300 мг/л) была снижена только у гена *HvGST6* (в 3,5 раза). При увеличении концентрации ZnO до 2000 мг/л наблюдали снижение количества транскриптов всех исследуемых генов в 4-11 раз. Напротив, в корневой части проростков добавление оксида цинка привело к увеличению экспрессии исследуемых генов. При воздействии ZnO в концентрации 300 мг/л на корешки наблюдали увеличение количества транскриптов генов *HvSodA1* (в 4 раза), *HvSodB* (в 11 раз), *HvGR* (в 15 раз), *HvCat1* (в 3 раза). С увеличением концентрации ZnO до 2000 мг/л транскрипционная активность генов *HvSodA1*, *HvSodB*, *HvGR*, *HvGST6*, *HvCat1*, *HvApk1* также возросла в 3-21 раз.

Таким образом, избыток оксида цинка приводит к неодинаковому изменению активности про-/антиоксидантной системы в корешках и листьях проростков ячменя.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках государственного задания в области научной деятельности № 0852-2020-0029.

Опыт выращивания культуры вербены лимонной (*Lippia citriodora*) в условиях аэропнного фитотрона

Научный руководитель – Мартиросян Юрий Цатурович

Коновалова М.А.¹, Мартиросян Л.Ю.², Чудосветова Д.Ю.³

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Физиологии растений, Москва, Россия, E-mail: myabstracthouse@gmail.com; 2 - Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия, E-mail: levon-agro@mail.ru; 3 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Защиты растений, Москва, Россия, E-mail: chudosvetova@gmail.com

Целью данной работы является подбор оптимальных условий выращивания вербены лимонной (*Lippia citriodora*) семейства вербеновые (*Verbenaceae*) в аэропнном фитотроне. Данная лекарственная культура не выращивается в России в промышленных масштабах, но активно культивируется во Франции, Испании и Израиле, где используется как анти-септическое, антиоксидантное и седативное средство, а также применяется в парфюмерии и косметики [2].

Укорененные черенки вербены лимонной (*Lippia citriodora*) были получены из ботанического сада Тель-Авивского университета. Для дальнейшей работы они были введены в культуру *in vitro* и размножены согласно методике, описанной в литературном источнике [1]. Размноженные растения были переведены в условия *in vivo* и адаптированы к условиям аэропнного фитотрона. При культивировании в аэропнном фитотроне поддерживалась интенсивность светового потока 220-230 $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$, при 18-часовом световом дне, с помощью широкоспектральных светодиодных светильников. Состав питательного раствора в граммах, был следующий: N - 18, P₂O₅ - 18, K₂O - 18, MgO - 2, S - 1.5 и микроэлементы Fe (ДТПА) - 0.054; Zn (ЭДТА) - 0.014; Cu (ЭДТА) - 0.01; Mn (ЭДТА) - 0.042; Mo - 0.004; B - 0.02. Поддерживался pH раствора 5,0-5,5 и Ec - 2,0-2,3.

В процессе выращивания вербены лимонной (*Lippia citriodora*) в аэропнном фитотроне в течение 12 месяцев на площади 5 м² при плотности посадки 72 растения на м², среднемесячная урожайность с квадратного метра посадочной площади составила 2 кг сырой и 250 г сухой биомассы.

Исследования количественного содержания эфиромасличных веществ в листьях вербены лимонной (*Lippia citriodora*) проводили методом паровой дистилляции. По открытым источникам выход эфиромасличных веществ вербены лимонной составляет 0,10-0,30 %, в нашей работе содержание составило 0,43%.

Таким образом, введение вербены лимонной (*Lippia citriodora*) в условия аэропнных установок позволяет максимизировать производство лекарственной биомассы, дает более высокие выходы вторичных метаболитов, и может быть реализовано с целью создания отечественных лекарственных препаратов, и использования её экстрактов в парфюмерии.

Источники и литература

- 1) Калашникова Е.А., Чередниченко М.Ю., Киракосян Р.Н., Зайцева С.М. Лабораторный практикум по культуре клеток и тканей растений – М.: ФГБНУ «Росинформатех», 2017. С. 140.
- 2) Cáceres M., A. Ricciardi G., M. Torres A., V. Ricciardi B., Ferrero S., Dellacassa E. In vitro Anti-snake Venom Activities of *Aloysia citriodora* Palau: New Possibilities for a Known Aromatic Plant // Journal of Essential Oil Bearing Plants. 2017. Vol. 20. No. 1. P. 1–9.

Влияние стевиозида на динамику лектиновой активности проростков яровой пшеницы при инфицировании фитопатогенами

Научный руководитель – Тимофеева Ольга Арнольдовна

Ляшенко Мария Алексеевна

Аспирант

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

E-mail: landkzn@bk.ru

На сегодняшний день роль вторичных метаболитов в жизни растения является предметом дискуссии, однако, большинство исследователей склонны считать, что они выполняют экологические функции, в частности защитные [1]. Одним из важнейших классов вторичных метаболитов являются изопреноиды (терпеноиды). К таким биологическим соединениям относятся сладкие дитерпеноидные гликозиды растения *Stevia rebaudiana* Bertoni, агликоном которых является стевиол 13-гидрокси-энт-каур-16-ен-19-овая кислота [2]. В литературе есть сведения о том, что возможно применение стевиозида в качестве регулятора роста [3].

Данная работа посвящена изучению влияния стевиозида на динамику лектиновой активности у проростков яровой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) сорта Омская-33 при инфицировании фитопатогенными грибами *Fusarium oxysporum* и *Aspergillus niger*.

Растения пшеницы выращивали в лабораторных условиях в кюветах на водопроводной воде и растворе стевиозида в концентрации 10^{-8} М при освещенности 100 Вт/м² и 12-часовом фотопериоде. Инфицирование растений грибами в концентрации (1-3)•10⁴ КОЕ/см³ проводили на 7-ой день выращивания растений. Лектиновую активность определяли методом микротитрования.

В результате проведенных экспериментов было обнаружено два пика активности растворимых лектинов при инфицировании *Fusarium oxysporum*, через 24 и 72 ч. Стевиозид изменил ответную реакцию растворимых лектинов. Мы наблюдали так же, как и в контроле появление двух пиков: через 24 ч и через 72 ч, но второй пик был намного меньше по сравнению с первым.

Активность лектинов клеточной стенки при инфицировании *Fusarium oxysporum* увеличивалась через 72 ч. Под воздействием стевиозида также наблюдали пик активности через 72 ч, но он был ниже, чем в контрольном варианте без стевиозида.

При инфицировании проростков пшеницы *Aspergillus niger* активность как растворимых, так и связанных с клеточной стенкой лектинов увеличивалась в первые сутки, а далее постепенно снижалась, оставаясь, тем не менее, на уровне выше контрольных растений (растворимые лектины) или приближаясь к нему (лектины клеточной стенки). У стевиозид-обработанных растений наблюдали появление двух пиков: через 24 ч, как и в контрольном варианте, и через 72 ч у растворимых лектинов и через 96 ч у лектинов клеточной стенки.

Таким образом, установлено, что предварительная обработка растений стевиозидом изменяла эффект возбудителей грибных заболеваний на лектиновую активность.

Источники и литература

- 1) Суханова М.А. Синтез и накопление стевиол-гликозидов в растениях и культурах клеток стевии // Автореф. дисс. ... канд. биол. наук. Москва, 2002.

- 2) Катаев В.Е., Хайбуллин Р.Н., Шарипова Р.Р., Стробыкина И.Ю. Дитерпеноиды и гликозиды энт-кауранового ряда: выделение, свойства, химическая трансформация //Обзорный журнал по химии. 2011, Т. 1, № 1, С. 99-167.
- 3) Михайлов А.Л., Невмержитская Ю.Ю. Тимофеева О.А. Стевиозид как антистрессовый регулятор роста и развития растений// Известия Самарского научного центра Российской академии наук 2013, Т.15, №3 (5).

Разработка тест-системы для определения типов цитоплазматической стерильности у лука репчатого (*Allium cepa* L.)

Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович

Махкамов А.Ш.¹, Головинов И.В.²

1 - Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия, *E-mail*: *makhkamovrasul@yandex.ru*; 2 - Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия, *E-mail*: *ivgolovinov@yandex.ru*

Для расширения агропроизводства и удовлетворения растущих потребностей населения необходимо быстрое и качественное создание новых сортов и гибридов. Внедрение методов молекулярной генетики в селекцию позволяет сократить расходы и значительно ускорить этот процесс. Для этого прежде всего необходимы хорошо изученные две генетические системы - цитоплазматическая мужская стерильность (ЦМС) и гены восстановители фертильности пыльцы (Rf). Комбинированное использование этих систем позволяет сократить время селекции двухлетней культуры лука репчатого с 6 до 3 лет.

На данный момент практически отсутствуют данные о точности маркерных систем, определяющих типы ЦМС и аллельные варианты генов Rf, но при этом существует запрос на новые точные тест-системы от селекционеров в России и во всем мире, поэтому целью данной работы служила разработка наиболее эффективной тест-системы для определения типов ЦМС у лука.

Материалом исследования послужили 18 отечественных селекционных линий, которые включали полусладкие, полуострые гибриды лука репчатого. Растения выращивали в фитотроне, при 16-часовом световом дне и температуре 26°C. Стерильные и фертильные линий использовали как контроли для проверки эффективности тест-систем. ДНК выделяли из молодых листьев, с помощью коммерческого набора DNeasy Plant mini (Qiagen, США). Для ПЦР использовали набор ScreenMix HS, а для ПЦР в режиме реального времени - qPCRMixSYBR HS (Евроген, Россия). ПЦР продукты разделяли в 1.5% агарозном геле.

Нами были проанализированы следующие маркеры: *cob*, *orfA501*, *orf725* и *IGS* [1]. В результате наиболее эффективными оказались маркеры *cob* и *orfA501*, они показали точность в 97%. При этом маркер *IGS* не давал специфичного продукта реакции, а маркер *orf725*, напротив, показал точность 75%.

Для получения результата генотипирования всех маркеров, использованных в этом исследовании, требуется проведение электрофореза в агарозном геле, но нам удалось модифицировать тест-систему *cob* и *orfA501* с использованием возможностей ПЦР в режиме реального времени - кривых плавления. На рисунке 1 представлены пики плавления маркера *cob*. Пик на 82,5°C показывает S тип цитоплазмы, пик правее показывает N либо T тип, для дальнейшей идентификации используется маркер *orfA501*, который маркирует S и T тип цитоплазмы (пик на 85°C).

Нами предлагается использование данной системы из двух маркеров для массового генотипирования растений лука репчатого.

В дальнейшем планируется определение последовательности митохондриального генома лука трех типов цитоплазмы, с целью создания мультиплекс ПЦР для определения типа ЦМС у лука.

Источники и литература

- 1) Gazendam I., Greyling M. M., Laurie S. M. The Application of Molecular Markers to Accelerate the Recovery of Cytoplasmic and Nuclear Male Sterility in South African Onion (*Allium cepa* L.) Hybrid Parental Lines // Journal of Agricultural Science. – 2018 – Т. 10 – №. 7

Иллюстрации

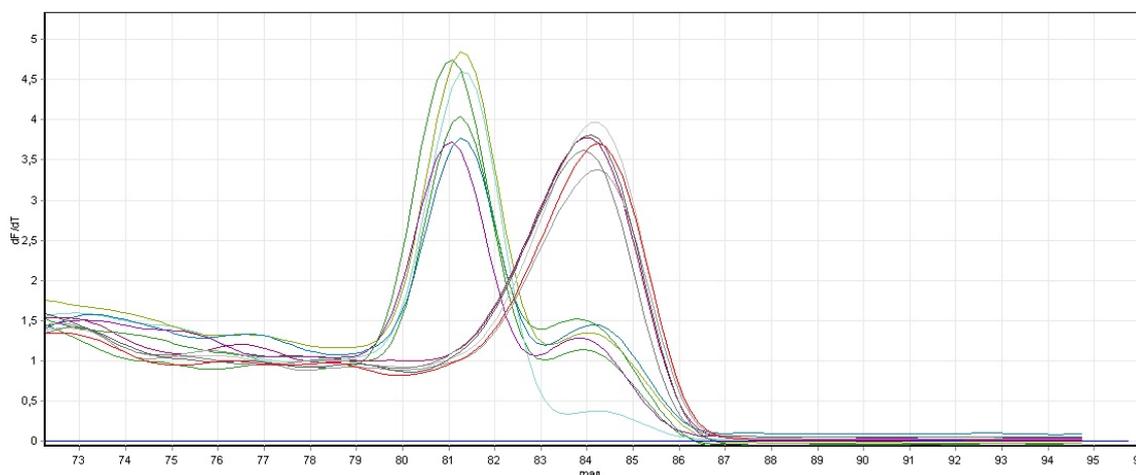


Рис. 1. Нормализованные кривые плавления для маркера *sob*, левые пики - S тип, правые - N/T, получены с помощью Rotor-Gene 6000 (Corbett Research, Австралия)

Сравнение эффективности методов экстракции ДНК из растительных объектов на примере лука репчатого (*Allium cepa* L.)

Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович

Митюков Владислав Дмитриевич

Студент (бакалавр)

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

E-mail: vlados.mc18@gmail.com

Эффективное выделение ДНК может представлять некоторую сложность ввиду наличия в растениях различных вторичных метаболитов, таких как полисахариды и полифенолы, затрудняющих дальнейший анализ. Поэтому наиболее подходящим материалом для выделения ДНК являются молодые листья, с наименьшим содержанием вторичных метаболитов. Однако в большинстве случаев приходится работать с другими частями растения, например с плодами и луковицами, в которых содержится огромное количество полисахаридов и полифенолов. Стоит отметить, что исследования в этой области немногочисленны, и существующие протоколы экстракции для растительных объектов не охватывают весь спектр растительных культур. Поэтому цель данной работы - сравнение эффективности методов экстракции ДНК из «сложных» растительных объектов на примере лука репчатого.

Материалом исследования служили растения лука репчатого. Для исследования влияния различных лизирующих буферов и органических компонентов на количество и качество ДНК, выделенной из сочных чешуй лука, мы сравнивали три лизирующих буфера: в буфере №1 использовали 2% СТАВ, в буфере № 2 - 2% SDS, №3 - 4 М гуанидиний тиоцианат, остальные компоненты буферов оставались неизменными: 1% PVP; 100 mM Tris-HCl pH 8.0; 50 mM EDTA; 0.1% β -меркаптоэтанол. После лизаты очищались фенол-хлороформом, либо чистым хлороформом, либо без очистки в конце осаждались в изопропанол. Также для сравнения использовали набор DNeasy Plant mini Kit (Qiagen). В итоге нами было проверено 10 различных вариантов экстракции.

Количество выделенной ДНК определяли флуориметром QuantiFluor (Promega), методом ПЦР в режиме реального времени нами была установлена активность ДНК матрицы, для этого использовали праймеры на однокопийные гены хлоропластной, митохондриальной и ядерной ДНК.

В результате было установлено, что наибольшее количество ДНК удалось выделить с помощью лизирующего буфера №2 и №3 - в среднем 85 нг/мкл; наименьшее количество - буфером №1 (57 нг/мкл, в случае отсутствия очистки). Интересно отметить, что после увеличения количества промываний хлороформом отмечена потеря ДНК (примерно 10-20 нг/мкл за отмывку), однако чистота ДНК значительно увеличилась.

Таким образом, разные способы очистки не оказали влияния на финальные концентрации ДНК по сравнению друг с другом, но значительно отличались по качеству - в результате хлороформной очистки образцы получались чище. При сравнении чистоты выделения различных буферов наилучший результат показал буфер №1. Вероятнее это связано с тем, что буфер №2 и №3 предназначены в первую очередь для очистки от белков и липидов, а не от полисахаридов [1]. Коммерческий набор, напротив, показал не лучшие результаты по сравнению с остальными - 25 нг/мкл выделенной ДНК и низкую

эффективность ПЦР. Возможно, это связано с тем, что универсальность наборов приводит к значительной потере качества.

Так как количество и качество выделенной ДНК зависит еще от концентрации различных солей в лизирующем буфере [1], то в дальнейшем планируется определение оптимального состава буфера для экстракции ДНК из растительных объектов с повышенным содержанием полисахаридов и полифенолов.

Источники и литература

- 1) Xia Y. et al. A modified SDS-based DNA extraction method from raw soybean // Bioscience reports. – 2019. – Т. 39. – №. 2.

Влияние гистидина на сорбцию ионов тяжелых металлов клеточными стенками корней растений вики посевной (*Vicia sativa*)

Научный руководитель – Мейчик Наталия Робертовна

Никущин Олег Витальевич

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра физиологии растений, Москва, Россия

E-mail: nikushin.94@mail.ru

Накопление и детоксикация тяжелых металлов растительными клетками - это комплексное явление. В ответ на металл-стресс растения используют разнообразные молекулярные механизмы, чтобы избежать накопления токсических концентраций тяжелых металлов (Me^{n+}) в цитоплазме. Молекулярным механизмам защиты растений от действия Me^{n+} посвящены многие работы исследователей, однако информация об участии внеклеточных механизмов в процессе защиты растений от влияния избыточных концентраций Me^{n+} в среде крайне ограничена. К внеклеточным механизмам защиты растений от тяжелых металлов принято относить выделение корнями экссудатов, содержащих многочисленные лиганды, и сорбцию металлов клеточной стенкой. Одним из типичных компонентов корневых экссудатов является гистидин, в связи с этим в настоящей работе поставлена цель выявить влияние гистидина на сорбцию ионов тяжелых металлов клеточными стенками корней растений вики посевной (*Vicia sativa* L.). Проведено сравнительное исследование поглощения ионов меди корнями транспирирующих растений и изолированными из корней клеточными стенками (КС) при разных концентрациях гистидина в присутствии 10 мкМ меди. Растения выращивали в климатической камере (25°C, освещенность - 110 мкМ/м² с, 14-часовой день) при постоянной аэрации растворов с концентрацией ионов K^+ , NO_3^- , Cl^- , Na^+ , $PO_4^{3-} \sim 0,2$ мМ. В возрасте 9-10 дней растения переносили на растворы с концентрацией Cu^{2+} 10 мкМ, с добавлением гистидина в концентрациях 0,5 мМ или 1 мМ, на 24 часа при указанных выше внешних условиях. В соответствии с результатами, с увеличением концентрации гистидина в среде уменьшается сорбция Cu^{2+} как интактными растениями, так и изолированными из них КС. При всех обработках не наблюдалось изменений в сухой массе ни корней, ни побегов опытных растений по сравнению с контрольными, т.е. в выбранных условиях эксперимента не происходило ингибирование роста. Во всех вариантах обработки растений содержание ионов меди в КС в расчете на грамм сухой массы корня было близким к содержанию этого металла в корне. Следовательно, большая часть меди в интактных растениях поглощается именно клеточной стенкой. Полученные результаты дают основание полагать, что у растений вики депонирование Cu^{2+} в клеточные стенки корня является основным механизмом защиты в ответ на Cu -стресс. Добавление гистидина снижает сорбцию Cu^{2+} клеточной стенкой и препятствует поступлению металла в цитозоль растительной клетки.

Особенности функционирования глутаматдегидрогеназы в листьях кукурузы в гипоксических условиях**Научный руководитель – Епринцев Александр Трофимович**Оя П.С.¹, Анохина Г.Б.²

1 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail: lol221297@mail.ru; 2 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail: dowi2009@mail.ru

Исследования механизмов приспособления растений к изменяющимся условиям среды имеют как фундаментальное, так и практическое значение. Способность растений адаптироваться к гипоксическим условиям является одним из этих механизмов. Глутаматдегидрогеназа (ГДГ, КФ 1.4.1.3) растений - фермент, обеспечивающий субстратом ГАМК-шунт и участвующий в синтезе аминокислот [1]. В геноме кукурузы обнаружено два гена, кодирующих ГДГ. При стрессе их экспрессия изменяется, что свидетельствует о возможном участии данного фермента в передаче стрессовых сигналов в клетке растений [2]. К сожалению, роль ГДГ в адаптивной реакции растений к гипоксии изучена недостаточно. В связи с этим, целью данной работы являлось исследование особенностей функционирования глутаматдегидрогеназы в листьях кукурузы *Zea mays* L. в условиях гипоксии.

Как объект использовались листья 10-дневной кукурузы сорта Воронежская-76, выращенной гидропонно при 10-часовом световом дне. Растения, с предварительно удалённой корневой системой, делили на 2 группы. Контрольная группа помещалась в вакуум-эксикатор объёмом 5 л, куда непрерывно осуществлялся приток воздуха. Растения из опытной группы №2 инкубировались в вакуум-эксикаторе, куда в течение суток подавался азот из коммерческого баллона. Исходя из этого, можно утверждать, что условия инкубации являлись гипоксическими. Активность ГДГ определяли спектрофотометрически по реакции аминирования. В первые часы эксперимента в листьях кукурузы, экспонированных при гипоксии, наблюдалось увеличение активности ГДГ более чем в 1,5 раза. Максимум активности был зафиксирован с 3 по 12 ч инкубации, после чего отмечалось ее резкое снижение. После 24 ч инкубации, отмечено падение активности ГДГ до контрольного уровня.

Анализ транскрипционной активности генов *gdh1* и *gdh2* в гипоксических условиях показал, что относительный уровень транскриптов гена *gdh1* увеличился в 3 раза на 3 и 6 час инкубации и был выше контрольных значений, тогда как экспрессия гена *gdh2* опустилась ниже уровня контроля и была минимальной на протяжении всего времени эксперимента. Величина относительного уровня транскриптов гена *gdh1* коррелирует с динамикой общей ферментативной активности ГДГ. Установлено, что низкие концентрации кислорода в среде кратковременно стимулируют работу глутаматдегидрогеназы, при этом регуляция функционирования энзима осуществляется на генетическом уровне путем изменения экспрессионной активности гена *gdh1*. Экспрессия гена *gdh2* в гипоксических условиях инактивируется.

Источники и литература

- 1) Епринцев А. Т. Каталитические и молекулярные аспекты функционирования изоформ глутаматдегидрогеназы в кукурузе *Zea mays* L. / А. Т. Епринцев, Г. Б. Анохина, П. С. Оя, Я. И. Дедов // Прикладная биохимия и микробиология. 2021. Т. 57, № 2. С. 163-171
- 2) Marchi L. Glutamate dehydrogenase isoenzyme 3 (GDH3) of *Arabidopsis thaliana* is less thermostable than GDH1 and GDH2 isoenzymes / L. Marchi, E. Polveriniet al. // Plant Physiol Biochem. 2014. Vol. 83. P. 225- 231.

Влияние процесса нонсенс-опосредованной деградации РНК (NMD) на транскрипцию длинных некодирующих РНК у растений

Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович

Петров Егор Андреевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоорганической химии, Москва, Россия

E-mail: egor.vyatka@mail.ru

Эукариотическая система нонсенс-опосредованной деградации мРНК (NMD, nonsense-mediated mRNA decay) контролирует качество мРНК, деградируя транскрипты, содержащие преждевременный стоп-кодон [1]. Предполагается, что таким образом система NMD может останавливать синтез абберантных белков, которые могут быть токсичны для клетки. Оказалось, что система NMD также регулирует около 10% всех транскриптов, позволяя клетке тонко подстраивать экспрессию генов под внешние воздействия. При этом, мало известно о регуляции системой NMD длинных некодирующих РНК (длнкРНК), которые содержат короткие открытые рамки считывания, способные потенциально кодировать пептиды.

В своей работе мы исследовали влияние системы NMD на регуляцию транскрипции длнкРНК у растений. Для исследований использовали модельный объект растительной биологии - мох *Physcomitrium (Physcomitrella) patens*. Ранее, в нашей лаборатории были идентифицированы длнкРНК, кодирующие функциональные пептиды у *P. patens*.

В экспериментах по изучению регуляции транскрипции длнкРНК были использованы нокаутные линии по гену SMG1, полученные нами из всемирной коллекции Moss Stock Center [2] и растения дикого типа. Мутантные линии отличаются от дикого типа менее интенсивным ростом. Используя ранее полученные данные транскриптомного анализа мутантных линий [3], для дальнейшего анализа мы отобрали около 40 длнкРНК, уровень транскрипции которых значительно поменялся в мутантных линиях. Кроме того, мы проанализировали те длнкРНК, для которых идентифицировали пептид-кодирующие короткие рамки. Уровень транскрипции этих длнкРНК в мутантных линиях и при стрессовых воздействиях оценили при помощи количественного ОТ-ПЦР-анализа в режиме реального времени с использованием флуоресцентного красителя SYBR GreenI. Мы установили, что у нокаутных линий *smg1-1* и *smg1-2* действительно наблюдается повышение уровня транскрипции некоторых длнкРНК. Наиболее интенсивно в линиях *smg1-1* и *smg1-2* растет транскрипция длнкРНК, кодирующей 57-аа микробелок PSEP3, а также его паралога Pr3c16_24530. В стрессовых условиях, таких как осмотический шок, уровень транскрипции данной длнкРНК значительно снижался.

Наши результаты указывают на то, что у растений транскрипция длинных некодирующих РНК, содержащих транслирующиеся короткие открытые рамки считывания, может контролироваться системой нонсенс-опосредованной деградации РНК. Выключение данной системы может приводить к увеличению количества продуктов трансляции длнкРНК.

Работа поддержана грантом РФФИ № 20-04-00938.

Источники и литература

- 1) Baker, K. E., Parker, R. Nonsense-mediated mRNA decay: Terminating erroneous gene expression // Current Opinion in Cell Biology. 2004, №16(3), p. 293-299.

- 2) <http://www.moss-stock-center.org>
- 3) Lloyd J.P.B., et al. The loss of SMG1 causes defects in quality control pathways in *Physcomitrella patens* // Nucleic Acids Research. 2018, №46(11), p. 5822–5836.

Характеристика антиоксидантной системы трансгенных растений *Nicotiana tabacum*, выращенных в условиях биотического стресса

Научный руководитель – Кукулянская Татьяна Александровна

Приступа Кристина Владимировна

Аспирант

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра биохимии, Минск, Беларусь

E-mail: kristina.pristupa@mail.ru

В настоящее время одной из ключевых задач, стоящих перед учеными разных стран, является получение растений, которые характеризуются повышенной устойчивостью к заражению патогенными микроорганизмами, грибами, вирусами и т.д. В таких условиях растения подвергаются биотическому стрессовому воздействию, что приводит к усилению интенсивности свободно радикальных окислительных процессов в клетке, для предотвращения развития которых происходит активация ряда ферментативных компонентов антиоксидантной защиты [1].

В ответ на стрессовое воздействие растения продуцируют этилен, который в избыточном количестве приводит к снижению роста, ускорению старения, пожелтению листьев. Одним из способов его снижения является создание трансгенных растений, которые несут в своем геноме бактериальный ген *acdS*, кодирующий 1-аминоциклопропан-1-карбоксилат-деаминазу (АЦК-деаминазу). Данный фермент катализирует разрушение предшественника этилена [2].

Целью исследования являлось изучение активности ферментативных антиоксидантов в нетрансгенных и трансгенных растениях *Nicotiana tabacum*, несущих ген *acdS* бактерий *Pseudomonas putida* В-37. Растения были выращены в нормальных условиях (контрольная серия) и при заражении растений грибом *Fusarium oxysporum* (опытная серия).

Показано, что наименьшая активность пероксидазы, супероксиддисмутазы (СОД), каталазы, полифенолоксидазы (ПФО) и аскорбатоксидазы (АО) обнаружена в растениях контрольной серии. Продемонстрировано, что активность СОД в нетрансгенных растениях в условиях биотического стресса увеличилась в 4,4 раза, в трансгенных - в 2,4 раза, активность каталазы - в 4,5 и 2 раза соответственно по сравнению с контрольной серией. Интенсивность процессов пероксидазного окисления в нетрансгенных *Nicotiana tabacum* в условиях стресса увеличилась в 4,8 раз, в трансгенных - в 2,2 раз соответственно по сравнению с контрольной серией. Установлено, что в нетрансгенных растениях в условиях биотического стресса активность ПФО увеличилась в 3 раза, а в трансгенных образцах - в 2,1 раз, активность АО - в 5 и 3,5 раза соответственно по сравнению с контрольной серией.

Таким образом, трансгенные растения, несущие в своем геноме бактериальный ген *acdS*, способны синтезировать АЦК-деаминазу, которая разлагает предшественник этилена и, тем самым, снижает количество данного фитогормона. Вероятно, такие растения отличаются более низкой интенсивностью процессов свободного окисления, в них в меньшем количестве образуются активные формы кислорода, по сравнению с нетрансгенными в условиях биотического стресса, вызванного грибом *Fusarium oxysporum*. Следовательно, в трансгенных растениях в меньшей степени происходит активация ферментативных компонентов антиоксидантной защиты, что, возможно, обуславливает более низкую активность исследуемых ферментов.

Источники и литература

- 1) Ahmad, P. Reactive oxygen species, antioxidants and signaling in plants // Journal of Plant Biology. 2008, №51(3). p. 167-173.
- 2) Gontia-Mishra, I. Recent developments in use of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) deaminase for conferring tolerance to biotic and abiotic stress // Biotechnology Letters. 2014, №.36. p. 889–898.

Клонирование полноразмерной кодирующей последовательности гена SaSLAH3 из галофита Suaeda altissima (L.) Pall., гомолога AtSLAH3, и анализ его экспрессии при засолении

Научный руководитель – Балнокин Юрий Владимирович

Ростовцева Елена Ивановна

Студент (магистр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Агрономии и биотехнологии, Физиологии растений, Москва, Россия

E-mail: ni-fir-titi@mail.ru

Медленные каналы семейства SLAC1/SLAH локализованы в плазмалемме и осуществляют транспорт нитрата и хлорида, играющих важную роль в азотном питании и формировании механизмов солеустойчивости растений [1]. Белок SaSLAH3 из *S. altissima* является гомологом белка AtSLAH3 из *A. thaliana*, для которого показано участие в механизме регуляции устьичной апертуры [2, 3].

Для клонирования нуклеотидной последовательности *SaSLAH3* был использован транскриптом, собранный ранее *de novo* по данным базы BioProject NCBI библиотек коротких прочтений РНК из родственных галофитов *S. fruticosa* и *S. glauca* [4]. Идентифицировав ортологи гена *AtSLAH3*, осуществили подбор праймеров и амплифицировали соответствующий ген из *S. altissima*. Методом ПЦР в реальном времени оценили уровень экспрессии *SaSLAH3*, который был выше при оптимальной для роста концентрации NaCl в среде (250 мМ), чем при его дефиците (0 мМ) и заметно возрастал в условиях угнетающей рост концентрации (750 мМ), что свидетельствует о возможном участии данного канала в регуляции солеустойчивости растений.

Источники и литература

- 1) Hedrich R, Geiger D. Biology of SLAC1-type anion channels - from nutrient uptake to stomatal closure // *New Phytol.* 2017. No. 216(1). P. 46-61
- 2) Zhang A, Ren HM, Tan YQ, et al. S-type Anion Channels SLAC1 and SLAH3 Function as Essential Negative Regulators of Inward K⁺ Channels and Stomatal Opening in *Arabidopsis* // *The Plant Cell.* 2016. No. 28(4). P. 949-955
- 3) Chen, G., Wang, L., Chen, Q. et al. PbrSLAH3 is a nitrate-selective anion channel which is modulated by calcium-dependent protein kinase 32 in pear. // *BMC Plant Biol.* 2019. No. 19. P. 190
- 4) Балнокин, Ю.В., Карпычев, И.В., Майорова, О.В., Попова, Л.Г., Шувалов, А.В., Юрченко, А.А. Клонирование и функциональный анализ гена SaCLC1, принадлежащего к семейству хлоридных каналов (CLC), из галофита *Suaeda altissima* (L.) Pall. // Доклады Академии Наук. 2018. Т. 481. С. 104-107

Выявление биологической функции пептида PSEP1, транслируемого с длинной некодирующей РНК

Научный руководитель – Фесенко Игорь Александрович

Седлов Илья Андреевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биохимии, Москва, Россия

E-mail: sedlov8@yandex.ru

Короткие открытые рамки считывания (кОРС, <300 нуклеотидов) обнаружены в геномах прокариот и эукариот, однако часто пропускаются автоматическими алгоритмами при аннотации. Тем не менее, показано, что кОРС могут кодировать функциональные пептиды/микробелки, важные для регуляции различных физиологических процессов [1]. Однако функции большинства пептидов, кодируемых кОРС, изучены мало, особенно у растений. Ранее в лаборатории была обнаружена кОРС, расположенная на транскрипте, аннотированном как длинная некодирующая РНК у модельного растения *Physcomitrella patens* [2]. Её транскрипция и трансляция были подтверждены. Пептид размером 41 а.о. был назван PSEP1. Мы показали, что эндогенный пептид PSEP1 участвует в регуляции скорости роста растений мха: при сверхэкспрессии этого пептида у растений наблюдается значительное ускорение, а при его нокауте - замедление роста [2].

Известно, что пептиды/микробелки, кодируемые кОРС, могут взаимодействовать с белками, влияя на их активность и стабильность [1]. Следовательно, для описания функции микробелка необходимо определить его белковых партнёров. С этой целью нами была проведена аффинная хроматография с применением рекомбинантного PSEP1 со стрептавидиновым тэгом. Для стабилизации возможных слабых белок-белковых взаимодействий при нефизиологических условиях хроматографирования мы применили бифункциональный кросс-сшивающий агент DSP. Для подтверждения результатов аффинной хроматографии мы использовали более приближенный к физиологическим условиям метод выявления белковых партнёров - коиммунопреципитацию. Мы получили мутантные линии *Ph. patens*, экспрессирующие PSEP1, слитый с FLAG-пептидом (8 а.о.). Для изоляции белковых партнёров применили сорбент с иммобилизованными антителами против FLAG-пептида. В обоих методах белки-партнёры анализировали масс-спектрометрически.

Список выявленных кандидатов белковых партнёров пептида PSEP1 включает кальмодулин, белок Rab6A, ассоциированный с патогенезом белок PR-10 и несимбиотический гемоглобин класса 1. Стабильно определяющимся кандидатом по результатам двух вышеописанных экспериментальных методик является белок Rab6A, малая ГТФ-аза, регулирующая везикулярный транспорт.

Для изучения влияния PSEP1 на везикулярный транспорт мы сравнили сверхэкспрессирующую и нокаутную по этому пептиду линии с диким типом при окрашивании красителем FM1-43, флуоресцирующим в мембранах. Было показано, что интенсивность везикулярного транспорта у нокаутной линии значимо ниже, а у сверхэкспрессирующей линии - значимо выше, чем у дикого типа.

Результаты позволяют предположить, что микробелок PSEP1 регулирует процессы роста растений, воздействуя на интенсивность везикулярного транспорта.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 17-14-01189.

Источники и литература

- 1) Hsu, P. Y., Benfey, P. N. (2018). Small but Mighty: Functional Peptides Encoded by Small ORFs in Plants. *Proteomics*, 18(10), e1700038.
- 2) Fesenko, I. et al. (2019). Distinct types of short open reading frames are translated in plant cells. *Genome research*, 29(9), 1464–1477.

Роль криптохрома 1 в поддержании устойчивости ФА к УФ-В и СВИ при разных световых условиях**Научный руководитель – Креславский Владимир Данилович***Строкина В.В.¹, Худякова А.Ю.²*

1 - Институт фундаментальных проблем биологии РАН, Пущино, Россия, *E-mail: strokina.93@mail.ru*; 2 - Институт фундаментальных проблем биологии РАН, Пущино, Россия, *E-mail: s_t_i_m_a_@mail.ru*

Известно, что свет высокой интенсивности (СВИ) и УФ-В-радиация ингибируют фотосинтетические процессы. При этом проявляются многие свето-зависимые защитные и восстановительные процессы, которые снижают негативное действие этих стрессовых факторов [1]. Эти процессы контролируются системой фоторецепторов, таких как фитохромы и криптохромы, и реализуются через антиоксидантную систему растений, пигменты, поглощающие избыточный свет, и ряд других факторов [2, 3].

Нами была исследована роль одного из ключевых фоторецепторов (криптохром 1) в защите фотосинтетического аппарата (ФА) от СВИ и УФ-В при выращивании растений на свету разного спектрального состава.

У растений дикого типа (ДТ) и мутанта *hy4*, дефицитного по криптохрому 1, выращенных на синем свету (СС, 130 мкмоль квантов $m^{-2} c^{-1}$), было обнаружено заметное снижение активности фотосистемы 2 (ФС2) как после облучения СВИ (4 ч, 1000 мкмоль квантов $m^{-2} c^{-1}$), так и после УФ-В (1 ч, 1 Вт m^{-2}). У растений, выращенных при более низкой интенсивности СС (32 мкмоль квантов $m^{-2} c^{-1}$), разница в снижении активности ФС2 была гораздо меньше. Мы предполагаем, что такая разница в проявлении эффектов СВИ и УФ-В в разных световых условиях связана с содержанием каротиноидов и УФ-поглощающих пигментов (УФПП). У ДТ содержание каротиноидов и УФПП было значительно выше, чем у *hy4* как до, так и после облучения. Разница в устойчивости ФА может объясняться обнаруженным нами различием у ДТ и *hy4* в активности ключевых антиоксидантных ферментов. Содержание тиобарбитуровой кислоты, характеризующей степень развития ПОЛ, у ДТ после облучения незначительно снизилось, а активность аскорбатпероксидазы и гваякол-зависимой пероксидазы возросло. Обратная картина наблюдалась у *hy4*. Криптохромы эффективно поглощают СС, а красный свет не поглощают. Мы сделали заключение о новом свойстве криптохрома 1 - его важности для поддержания стресс-устойчивости ФА при высокой интенсивности синего света и, вероятно, белого света, но при наличии в его спектре высокой доли СС. По-видимому, стресс-устойчивость ФА поддерживается на СС достаточно высокой интенсивности за счет высокого содержания активной формы криптохрома 1 в общем его пуле.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №20-04-00512.

Источники и литература

- 1) Sicora C., Mate Z., Vass I. The interaction of visible and UV-B light during photodamage and repair of photosystem II // *Photosynth. Res.* 2003. №75. P. 127–137.
- 2) Kreslavski V.D., Los D.A., Schmitt F.J., Zharmukhamedov S.K., Kuznetsov V.V., Allakhverdiev S.I. The impact of the phytochromes on photosynthetic processes// *Biochim. Biophys. Acta.* 2018. №. 1859. P. 400–408.
- 3) Khudyakova A.Yu., Kreslavski V.D., Shmarev A.N., Lyubimov V.Yu., Shirshikova G.N., Pashkovskiy P.P, Kuznetsov V.V, Allakhverdiev S.I. Impact of UV-B radiation on the

photosystem II activity, pro-/antioxidant balance and expression of light-activated genes in *Arabidopsis thaliana* hy4 mutants grown under light of different spectral composition// J. Photochem. Photobiol. B: Biol. 2019. №. 194. P. 14-20.

Влияние 24-эпибрассинолида на протеом растений пшеницы в нормальных условиях произрастания

Научный руководитель – Шакирова Фарида Миннихановна

Федорова Кристина Александровна

Сотрудник

Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия

E-mail: kristina-iva@yandex.ru

Работа была направлена на выявление особенностей регуляции 24-эпибрассинолидом (ЭБ), активным представителем брассиностероидов (БС), протеомных перестроек в контрастных по устойчивости к засухе сортах пшеницы в нормальных условиях. Опыты проводили на 2-х сортах пшеницы *Triticum aestivum* L.: Омская 35 (О-35) - устойчивый к засухе сорт и Салават Юлаев (СЮ) - менее устойчивый сорт. 3-суточные проростки инкубировали 24 ч в растворе 2%-ной сахарозы в смеси с 0,4 мкМ ЭБ. Методом двумерного электрофореза проводили сравнительный анализ ЭБ-индуцированного увеличения уровня большого количества белков в широком диапазоне молекулярных масс и изоэлектрических точек в побегах проростков обоих сортов. Обнаружено, что в устойчивом сорте О-35 уровень накопления ряда белков был заметно выше в отличие от сорта СЮ. Далее с использованием MALDI-TOF масс-спектрометрии были идентифицированы белки, наиболее ярко отвечающие на обработку ЭБ. Среди идентифицированных полипептидов особый интерес представляют белки фотосинтеза. В частности, идентифицированы предшественники полипептидов, входящих в состав кислород-выделяющего комплекса фотосистемы II, среди которых магний-стабилизирующий белок. Кроме того, обнаружены белки цикла Кальвина, которые представлены изоформами малой и большой субъединиц рибулозобисфосфаткарбоксилазы (РБФК), являющиеся фундаментом холофермента РБФК - ключевого фермента фотосинтеза. Обработка ЭБ вызывала увеличение содержания β -субъединицы хлоропластного РБФК-связывающего белка и активазы РБФК, необходимых для эффективной работы холофермента РБФК. Среди индуцируемых в ответ на действие гормона полипептидов были выявлены и другие ферменты цикла Кальвина, а именно, хлоропластные фруктозо-1,6-бисфосфат альдолаза и фосфоглицерат киназа. К тому же обнаружено вызываемое ЭБ увеличение содержания белков, принимающих участие в процессе роста и энергетическом обмене растений. Так, идентифицированы актин, субъединицы тубулина, белок CDC48, связанные с делением клеток. Среди белков, участвующих в энергетическом обмене растений, обнаружены различные субъединицы АТФ-синтазы, протеинкиназы семейства SHAGGY, хлоропластный рибунуклеопротеин, а также фермент глутамин синтетаза. Вместе с тем, предобработка ЭБ способствовала увеличению содержания идентифицированных белков, особенно у сорта О-35. Таким образом, выявлено стимулирующее влияние БС на протеом растений пшеницы, что, в частности, сопровождается увеличением содержания белков, вовлеченных в фотосинтез, рост и энергетический обмен растений, что в конечном итоге может вносить вклад в реализацию рост-стимулирующего действия этого фитогормона на проростки пшеницы.

**Изменение экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки, в ходе роста
растяжением растительных клеток**

Научный руководитель – Шишова Мария Федоровна

Шapiro Александра Сергеевна

Студент (бакалавр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: Al.Shapiro@bk.ru

С 1970-х годов продолжают накапливаться данные о приоритетной роли H^+ -АТФазы плазмалеммы (ПМ) в реализации процесса роста растяжением. Известно, что активность этого фермента регулируется как на транскрипционном, так и пост-трансляционном уровнях. Относительно недавно [2] было показано, что H^+ -АТФаза ПМ взаимодействует с регуляторами межбелкового взаимодействия - представителями группы 14-3-3 белков. Получен ряд предварительных данных об избирательном усилении экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки, а, следовательно, сложный характер регуляции H^+ -АТФазы ПМ на транскрипционном/пост-трансляционном уровне. Однако ничего неизвестно о том, сколь активны эти факторы на разных этапах роста растяжением, а также какие из них являются приоритетными.

Цель данного исследования заключалась в анализе динамики накопления продуктов экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки. Способностью специфично связываться с H^+ -АТФазой ПМ обладает группа белков относящихся к семейству non-epsilon [1].

В качестве модельного объекта в работе была использована суспензионная культура клеток *Nicotiana tabacum* (VBI-0, Virginia Bright Italia) [3]. На везикулярной фракции плазмалеммы проведен анализ гидролитической активности H^+ -АТФазы ПМ. Наибольшей активностью фермента характеризовались наиболее активно растущие клетки (14 день развития). В том случае, если выявленное усиление активности протонной помпы обусловлено взаимодействием с 14-3-3 белками, то можно ожидать увеличение числа этих белков в результате усиления экспрессии генов, их кодирующих.

Анализ экспрессии генов NТomega1, NТomega2, NТomega3, NТepsilon, NТkappa1, NТkappa2, NТpsi с использованием ОТ-ПЦР выявил разнонаправленные изменения их экспрессии. Если таковая фактически не менялась или немного снижалась для представителей epsilon группы, то для генов семейства non-epsilon четко прослеживалась нелинейная динамика с достижением максимума на 2 неделю развития культуры.

Таким образом, в ходе исследования впервые показано изменение экспрессии генов, кодирующих 14-3-3 белки в ходе роста растяжением и выявлена корреляция накопления продуктов транскрипции генов семейства non-epsilon с усилением активности H^+ -АТФазы плазмалеммы.

Работа выполнена при частичном финансировании гранта РФФИ № 19-04-00655а.

Источники и литература

- 1) Pallucca R., Visconti S., Camoni L. et al. Specificity of ϵ and Non- ϵ Isoforms of Arabidopsis 14-3-3 Proteins Towards the H^+ -ATPase and Other Targets // PLOS ONE. 2014. V.9(3):e90764.
- 2) Takahashi K., Hayashi K., Kinoshita T. Auxin activates the plasma membrane H^+ -ATPase by phosphorylation during hypocotyl elongation in Arabidopsis // Plant physiol. 2012. 159(2):632-41.

- 3) Zazimalova E., Opatrny Z., Brezinova A., Eder J. (1995) The effect of auxin starvation on the growth of auxin-dependent tobacco cell culture: dynamics of auxin-binding activity and endogenous free IAA content // J. Exp. Bot, V. 46, No. 290, pp. 1205-1213

Морфоструктурные особенности каротиногенных микроводорослей *Deasonia* (Actinochloridaceae) при культивировании в стрессовых условиях

Научный руководитель – Лобакова Елена Сергеевна

Шибзухова Карина Ахмедовна

Сотрудник

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

E-mail: karina_shibzuhova@rambler.ru

В последние годы наблюдается рост интереса исследователей к микроводорослям (МВ), способных к накоплению в клетках в значительных количествах каротиноидов при стрессовых условиях. В качестве стрессовых факторов выступают дефицит элементов минерального питания, низкая температура и высокая освещенность [1]. Характер ответа микроводорослей на стрессовые воздействия, как правило, является штамм-специфичным. В связи с этим, в настоящее время особенно актуален поиск новых штаммов-продуцентов каротиноидов с лучшими биотехнологическими характеристиками в природе и в альгологических коллекциях.

В рамках данной работы из коллекции National Bank-Depository of Living Systems of Lomonosov Moscow State University (NAMSU) был выбран штамм NAMSU-934/2, способный к накоплению в клетках β -каротина и полиненасыщенных жирных кислот при культивировании на безазотной среде и/или при низкой температуре [2]. По результатам молекулярно-генетического анализа нуклеотидной последовательности фрагмента ядерного рибосомального кластера генов, включающего последовательности внутренних транскрибируемых спейсеров ITS1 и ITS2, а также ген 5.8S рРНК, данный штамм был идентифицирован как *Deasonia* sp. Культура была представлена неподвижными одиночными сферическими коккоидными вегетативными клетками диаметром до 20 мкм. Основная жизненная форма была представлена вегетативными клетками и апланоспорами. Половое размножение отмечено не было.

Морфоструктурный анализ клеток МВ с помощью сканирующей электронной микроскопии показал, что клетки *Deasonia* sp. характеризуются наличием на поверхности клеточной стенки “войлочного слоя” в виде выростов и тяжелой гликопротеидных филаментов, формирующих густую сеть. По данным трансмиссионной электронной микроскопии клетки в стандартных условиях имели клеточную стенку, состоящую, как правило, из трех выраженных слоёв, центральный лопастной хлоропласт, в строме которого находился крупный сферический пиреноид и многочисленные одиночные стромальные крахмальные зерна. Пиреноид окружен крахмальной обкладкой и пронизан двумя тилакоидами, разделяющими обкладку на два крупных крахмальных зерна в виде двух “скорлупок”.

В ходе культивирования в условиях дефицита азота в питательной среде культура клеток приобретала ярко-оранжевый цвет, который подтверждался спектрофотометрическим анализом пигментного состава. При этом клеточная стенка не претерпевала изменений. Значительные изменения были отмечены в структуре хлоропластов и цитоплазме. Площадь хлоропласта на срезе уменьшалась, что было связано с редукцией мембранной системы хлоропластов. В цитоплазме клеток формировались многочисленные часто сливающиеся друг с другом крупные липидные глобулы.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта Российского Научного Фонда (грант РНФ № 20-74-10028).

Источники и литература

- 1) Solovchenko A., Chekanov K. Production of carotenoids using microalgae cultivated in photobioreactors // Production of biomass and bioactive compounds using bioreactor technology. – Springer, Dordrecht, 2014. – С. 63-91.
- 2) Shibzukhova K. A. et al. Estimation of biotechnological potential and clarification of taxonomic status of *Parietochloris* genus microalgae (Trebouxiophyceae) from the CALU collection // Moscow University Biological Sciences Bulletin. – 2017. – Т. 72. – №. 3. – С. 137-141.