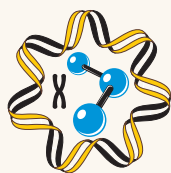


МУЛЬТИШКОЛА МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ



SBB-2024

СИСТЕМНАЯ БИОЛОГИЯ И БИОИНФОРМАТИКА
15-я Международная школа молодых ученых
SYSTEMS BIOLOGY AND BIOINFORMATICS
15th International Young Scientists School



PlantGen School 2024

ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА
И БИОТЕХНОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ
4-я Школа молодых ученых
PLANT GENETICS, GENOMICS,
BIOINFORMATICS AND BIOTECHNOLOGY
4th Young Scientists School

25–30 НОЯБРЯ 2024,
НОВОСИБИРСК, РОССИЯ
NOVEMBER 25–30, 2024,
NOVOSIBIRSK, RUSSIA

[CONF.ICGBIO.RU/SBB-PLANTGEN-2024](https://conf.icgbio.ru/sbb-plantgen-2024)

ОРГАНИЗАТОРЫ КОНФЕРЕНЦИИ CONFERENCE ORGANIZERS



Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН)

Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences (ICG SB RAS)



Курчатовский геномный центр ИЦиГ СО РАН
проект № 075-15-2019-1662

Kurchatov Genomic Center of ICG SB RAS
Project No. 075-15-2019-1662



Российский
научный фонд

Российский научный фонд (РНФ)
проект № 21-76-30003

Russian Science Foundation (RSF)
Project No. 21-76-30003



Вавиловское общество генетиков и селекционеров
Vavilov Society of Geneticists and Breeders



Новосибирское отделение
Вавиловского общества генетиков и селекционеров
Novosibirsk Branch
of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders

Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук
Курчатовский геномный центр ИЦиГ СО РАН
Российский научный фонд

Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences
Kurchatov Genomic Center of ICG SB RAS
Russian Science Foundation

МУЛЬТИШКОЛА МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ

SBB-2024

СИСТЕМНАЯ БИОЛОГИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

15-я Международная школа молодых ученых

SYSTEMS BIOLOGY AND BIOINFORMATICS

15th International Young Scientists School

PlantGen School 2024

ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА

И БИОТЕХНОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ

4-я Школа молодых ученых

PLANT GENETICS, GENOMICS,

BIOINFORMATICS AND BIOTECHNOLOGY

4th Young Scientists School

25–30 ноября 2024, Новосибирск, Россия

November 25–30, 2024, Novosibirsk, Russia

Программа / Program

Тезисы докладов / Abstracts

Новосибирск
ИЦиГ СО РАН
2024

Мультишкола молодых ученых. Системная биология и биоинформатика (SBB-2024): 15-я международная школа молодых ученых. Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений (PlantGen School 2024): 4-я школа молодых ученых (25–30 ноября 2024 г., Новосибирск); тезисы докладов / Ин-т цитологии и генетики Сиб. отд-ния Рос. акад. наук. Новосибирск: ИЦиГ СО РАН, 2024. XIV, 44, [2] с. DOI 10.18699/SBB-PlantGen-2024-Abstracts. ISBN 978-5-91291-070-8

Multischool for Young Scientists. Systems Biology and Bioinformatics (SBB-2024): 15th International Young Scientists School. Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics and Biotechnology (PlantGen School 2024): 4th Young Scientists School (November 25–30, 2024, Novosibirsk); Abstracts / Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences. Novosibirsk: ICG SB RAS, 2024. XIV, 44, [2] p. DOI 10.18699/SBB-PlantGen-2024-Abstracts. ISBN 978-5-91291-070-8

Организационный комитет

(сотрудники ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия)

Зубова Светлана Васильевна, руководитель сектора – председатель организационного комитета
Смирнова Ольга Григорьевна, с.н.с., к.б.н. – ученый секретарь Школы
Батухтин Георгий Валерьевич, редактор
Иванов Роман Артемович, м.н.с., программист
Игнатъева Ольга Валерьевна, юрисконсульт
Карамышева Татьяна Витальевна, с.н.с., к.б.н.
Коваль Василий Сергеевич, ведущий специалист, к.б.н.
Линкевич Павел Евгеньевич, ведущий инженер-программист
Токпанов Ерлан Аскарлович, руководитель службы
Харкевич Андрей Владимирович, ведущий специалист
Чалкова Татьяна Федоровна, начальник отдела

Organizing Committee

(employees of ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia)

Svetlana Zubova, Head of Department – Chair of the Organising Committee
Olga Smirnova, Senior Researcher, Ph.D. – Scientific Secretary of the School
Georgy Batukhtin, Editor
Tatiana Chalkova, Head of Department
Olga Ignatyeva, Legal Adviser
Roman Ivanov, Young Researcher, Programmer
Tatiana Karamysheva, Senior Researcher, Ph.D.
Andrey Kharkevich, Senior Specialist
Vasily Koval, Senior Specialist, Ph.D.
Pavel Linkevich, Chief Programme Engineer
Erlan Tokpanov, Head of Department

Контакты / Contacts

Электронная почта / Email: sbb.plantgen2021@bionet.nsc.ru
Сайт конференции / Website of Conference: conf.icgbio.ru/sbb-plantgen-2021
Адрес: 630090, Россия, Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева, 10
Address: Prospekt Lavrentyeva 10, Novosibirsk, 630090, Russia
Тел. / Phone: +7(383) 363 4977, факс / Fax: +7(383) 333 1278
Сайт ИЦиГ СО РАН / Website of ICG SB RAS: icgbio.ru

Программный комитет

Сопредседатели

Колчанов Николай Александрович, д.б.н., академик РАН, научный руководитель ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Салина Елена Артемовна, д.б.н., г.н.с., руководитель отделения «Курчатовский геномный центр ИЦИГ СО РАН», Новосибирск, Россия

Члены Программного комитета

Мин Чень, профессор, Университет Чжэцзян, Ханчжоу, Китай

Кочетов Алексей Владимирович, д.б.н., академик РАН, директор ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Афонников Дмитрий Аркадьевич, д.б.н., в.н.с., ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Землянская Елена Васильевна, к.б.н., в.н.с., ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Клименко Александра Игоревна, к.б.н., н.с., ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Ломзов Александр Анатольевич, к.ф.-м.н., заместитель директора Института по научной работе, заведующий лабораторией, ИХБФМ, Новосибирск, Россия

Патрин Максим Михайлович, директор, ООО «Феномика», Москва, Россия

Перик-Заводский Роман Юрьевич, м.н.с., НИИФКИ, Новосибирск, Россия

Самсонова Мария Георгиевна, д.б.н., руководитель проектов, СПбПУ, Санкт-Петербург, Россия

Programme Committee

Co-Chairs

Nikolay Kolchanov, Dr. Sci. (Biology), Full Member of the Russian Academy of Sciences, Scientific Director of ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

Elena Salina, Dr. Sci. (Biology), Head of the Department "Kurchatov Genomic Centre of ICG SB RAS", Novosibirsk, Russia

Members of the Programme Committee

Ming Chen, Professor, Zhejiang University, Hangzhou, China

Alexey Kochetov, Dr. Sci. (Biology), Full Member of the Russian Academy of Sciences, Director of ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

Dmitry Afonnikov, Dr. Sci. (Biology), Senior Researcher, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

Alexandra Klimenko, Ph.D., Research Scientist, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

Alexander Lomzov, Ph.D., Deputy Director of the Institute of Scientific Work, Head of Laboratory, ICBFM, Novosibirsk, Russia

Maxim Patrin, LLC "Phenomika", Moscow, Russia

Roman Perik-Zavodsky, Young Researcher, NIIKEL, Novosibirsk, Russia

Maria Samsonova, Dr. Sci. (Biology), Project Manager, SPbPU, St. Petersburg, Russia

Elena Zemlyanskaya, Ph.D., Senior Researcher, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

ПРОГРАММА / PROGRAM

25 ноября 2024, понедельник
November 25, 2024, Monday


08:00–09:00	РЕГИСТРАЦИЯ Холл на 1-м этаже главного корпуса ИЦИГ СО РАН, проспект Лаврентьева, 10	REGISTRATION Hall on the 1st floor of the main building of ICG SB RAS, Prospekt Lavrentyeva 10
09:00–09:15	ОТКРЫТИЕ ШКОЛЫ Конференц-зал на 3-м этаже	SCHOOL OPENING Conference room on the 3rd floor
09:15–10:45	Мин Чень , профессор, Чжэцзянский университет, Ханчжоу, Китай Почетный доктор Сибирского отделения РАН <i>Полногеномная многоуровневая интегрированная биологическая сеть риса</i>	Ming Chen , Professor, Zhejiang University, Hangzhou, China <i>Genome-wide Multiple-level Integrated Biological Network of Rice</i>
10:45–11:15	 Кофе-брейк	 Coffee break
11:15–12:15	Афонников Дмитрий Аркадьевич , в.н.с., д.б.н., ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Автоматическое фенотипирование растений</i>	Afonnikov Dmitry , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Automatic phenotyping of plants</i>
12:15–13:30	 Обед	 Lunch
13:30–15:00	Клименко Александра Игоревна , н.с., к.б.н., ИЦИГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Биоинформатический анализ метагеномных данных, полученных с помощью секвенирования случайных фрагментов методом дробовика (shotgun метагеномика)</i>	Klimenko Alexandra , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Bioinformatic analysis of metagenomic data obtained by shotgun sequencing of random fragments (shotgun metagenomics)</i>
15:00–15:50	Ломзов Александр Анатольевич , к.ф.-м.н., зам. директора Института по научной работе, зав. лаб., ИХБФМ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Моделирование пространственной структуры белков методом молекулярной динамики</i>	Lomzov Alexander , ICBFM SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Modelling of Protein Spatial Structure by Molecular Dynamics Method</i>
15:50–16:10	 Кофе-брейк	 Coffee break

16:10–17:40 **Бадаева Екатерина Дмитриевна, в.н.с.,**
д.б.н., ИОГен РАН, Москва, Россия
*Хромосомный анализ в структурно-
функциональных исследованиях генома
растений*

Badayeva Ekaterina,
The Vavilov Institute of
General Genetics, Moscow,
Russia
*Chromosome analysis in
structural and functional
studies of plant genome*

17:40–18:30 **Патрин Максим Михайлович,**
директор, ООО «Феномика»,
Москва, Россия
*Феномная селекция растений. Обзор
технологий и действующие решения
в России*

Maksim Patrin, LLC
“Phenomika”, Moscow, Russia
*Phenomic plant breeding.
Overview of technologies and
current solutions in Russia*

19:00  Приветственный фуршет

 Welcome buffet

26 ноября 2024, вторник

Практические занятия – параллельные группы
Практические занятия будут проходить в учебно-образовательном
корпусе № 9 «Биодема», проспект Лаврентьева, 6/6

November 26, 2024, Tuesday

Practice sessions – parallel groups
Practice sessions will be held at the educational building No. 9 “Biodem”,
Prospect Lavrentyeva 6/6


09:00–10:30 **Практика № 7**
Казанцев Федор Владимирович, с.н.с.,
к.б.н., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск,
Россия
*Потоковое моделирование
метаболических систем и процессов*
Аудитория 9213

Practice № 7
Kazantsev Fedor, ICG SB RAS,
Novosibirsk, Russia
*Flux analysis of metabolic
systems and processes*
Classroom 9213

Практика № 8
Макарова Аэлита Алексеевна,
аспирант, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск,
Россия
*Реконструкция генных сетей методом
программного комплекса ANDVisio*
Аудитория 9217


Practice № 8
Makarova Aelita, ICG SB RAS,
Novosibirsk, Russia
*Gene network reconstruction
using ANDVisio software*
Classroom 9217


10:30–11:00  Кофе-брейк

 Coffee break

11:00–12:30 **Практика № 7 – продолжение**
Аудитория 9213
Практика № 8 – завершение
Аудитория 9217

Practice № 7 – continuation
Classroom 9213
Practice № 8 – final session
Classroom 9217

12:30–14:00  Обед

 Lunch

14:00–16:00	Экскурсия по ИЦиГ СО РАН для участников, у которых в это время нет практик	Excursion to the ICG SB RAS for participants who do not have practice sessions at this time
14:00–16:00	Практика № 2 Патрин Максим Михайлович , директор, ООО «Феномика», Москва, Россия <i>Гиперспектральный и мультиспектральный анализ растений. Портативные камеры MUSES-9HS, Phenocheck (Spectricon, Греция)</i> Аудитория 9212	Practice № 2 Patrin Maksim, LLC “Phenomika”, Moscow, Russia <i>Hyperspectral and multispectral plant analysis. MUSES-9HS portable cameras, Phenocheck (Spectricon, Greece)</i> Classroom 9212
	Практика № 5 Клименко Александра Игоревна , н.с., к.б.н., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Часть 1: Shotgun метагеномика: таксономический анализ</i> Аудитория 9217	Practice № 5 Klimenko Alexandra , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Workshop 1: Shotgun metagenomics: taxonomic analysis</i> Classroom 9217
	Практика № 7 – продолжение Аудитория 9213	Practice № 7 – continuation Classroom 9213
16:00–16:30	 Кофе-брейк	 Coffee break
16:30–18:30	Практика № 5 – завершение <i>Часть 2: Shotgun метагеномика: функциональный анализ</i> Аудитория 9217	Practice № 5 – final session <i>Workshop 2: Shotgun metagenomics: functional analysis</i> Classroom 9217
	Практика № 7 – завершение Аудитория 9213	Practice № 7 – final session Classroom 9213





27 ноября 2024, среда

Конференц-зал на 3-м этаже главного корпуса ИЦиГ СО РАН, просп. Лаврентьева, 10

November 27, 2024, Wednesday

Conference room on the 3rd floor of the main building of ICG SB RAS, Prospekt Lavrentyeva 10

09:00–10:30	Секция «Доклады молодых ученых» – устные доклады (<i>подробный перечень устных докладов приведен ниже</i>)	Section “Reports of young scientists” – oral reports (<i>detailed list of oral presentations is given below</i>)
10:30–11:30	Постерная сессия , совмещенная с кофе-брейком (<i>подробный перечень стендовых докладов приведен ниже</i>)	Poster session combined with coffee break (<i>detailed list of poster presentations is given below</i>)
11:30–12:50	Секция «Доклады молодых ученых» – устные доклады (<i>продолжение</i>)	Section “Reports of young scientists” – oral reports (<i>continuation</i>)

12:50–14:00	 Обед	 Lunch
14:00–14:50	Самсонова Мария Георгиевна , д.б.н., заведующий научно-исследовательской лабораторией, Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия <i>Геномная селекция (дистанционная лекция)</i>	Samsonova Maria , Peter the Great St. Petersburg Polytechnic University, St. Petersburg, Russia <i>Genomic selection (online lecture)</i>
14:50–15:35	Казанцев Федор Владимирович , с.н.с., к.б.н., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Потоковое моделирование метаболических систем и процессов</i>	Kazantsev Fedor , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Flux analysis of metabolic systems and processes</i>
15:35–16:00	 Кофе-брейк	 Coffee break
16:00–17:30	Макарова Аэлита Алексеевна , аспирант, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Биологические базы данных для построения генных сетей</i>	Makarova Aelita , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Biological databases for reconstruction of gene networks</i>
18:00–21:00	Экскурсия по вечернему Академгородку (на автобусе, с выходом на памятных местах, с посещением Технопарка и Музея Академгородка)	Evening Tour of Akademgorodok (by bus, stopping at memorable places, including visiting Technopark and Akademgorodok Museum)

09:00–10:30 – Секция «Доклады молодых ученых» – устные доклады
Section «Reports of young scientists» – oral reports

- Зверинцева Каролина Михайловна**, студент, ИГУ БПФ, Иркутск, Россия
“The impact of *Zea mays* mitochondrial plasmids on the evolution of nuclear genes”
K. Zverintseva, I. Gorbenko
- Борисенко Натали Викторовна**, н.с., ФГБНУ «ФАНЦ Юго-Востока», Саратов, Россия
“Improving the digestibility of seed storage proteins in sorghum by RNA silencing of the gamma-kafrin gene: inheritance and expression of the RNAi genetic construct in mutants of cv. Avance and their hybrids”
N.V. Borisenko, L.A. Elkonin, T.E. Pylaev, S.Kh. Sarsenova, V. Panin
- Корженевский Максим Анатольевич**, м.н.с., ИЛ КарНЦ РАН, Петрозаводск, Россия
“Sugar transporter genes’ differential expression in Karelian birch (*Betula pendula* var. *carelica*) trunk tissues under different xylogenesis scenarios”
M.A. Korzhenevskiy, A.K. Pomeranets, O.V. Gorshkov, Yu.L. Moshchenskaya, N.A. Galibina
- Вилис Полина Сергеевна**, лаборант-исследователь, СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
«Анализ паттерна метилирования промоторов генов, кодирующих АБК-зависимые факторы транскрипции ABI3, ABI4 и ABI5, в зародышевых осях *Pisum sativum* L. на этапе перехода от семени к проростку»
П.С. Вилис, Е.А. Крылова, Е.К. Хлесткина, С.С. Медведев, Г.Н. Смоликова
- Франкевич Татьяна Андреевна**, лаборант, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
«Изучение влияния нокаута генов *GAUT1* и *GAUT7* на агрегативность клеток в суспензионной культуре *Arabidopsis thaliana*»
Т.А. Франкевич, Н.В. Пермякова, Ю.В. Сидорчук, Е.В. Дейнеко

6. **Синченко Анастасия Вячеславовна**, м.н.с., ФГБУН «НБС-ННЦ», Ялта, Россия
"Inter-varietal variability of transcription factor WRKY in *Vitis vinifera* based on transcriptomic data"
A. Sinchenko, E. Vodiasova, V. Uppé, P. Khvatkov
7. **Данилова Ольга Андреевна**, студент, КФУ, Казань, Россия
«Первые сведения о представленности генов метаболизма фосфора в выщелоченном черноземе Приобья»
О.А. Данилова, М.И. Маркелова, А.А. Данилова
8. **Коваленко Анна Валерьевна**, студент, К(П)ФУ, Казань, Россия
«Представленность генов метаболических путей трансформации органического вещества в черноземе выщелоченном Приобья»
9. **Пономарева Елизавета Романовна**, лаборант, К(П)ФУ, Казань, Россия
«Влияние агроприемов на генетический потенциал микробиоты почв Приобья, связанный с метаболизмом азота»
Е. Пономарева, М. Маркелова, А. Данилова

10:30–11:30 – Постерная сессия, совмещенная с кофе-брейком.

Доклады постерной сессии

Poster session combined with coffee break. Poster session reports

1. **Ананьев Алексей Александрович**, м.н.с., ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток, Россия
«Изменчивость биоразнообразия эндофитов модельного растения *Arabidopsis thaliana* при совместном проращивании с бактериями и грибами из дикорастущего винограда *Vitis amurensis*»
А.А. Ананьев, Н.Н. Нутяговский, О.А. Алейнова
2. **Береш Алина Александровна**, лаборант-исследователь, ФНЦ Биоразнообразия, Владивосток, Россия
«Влияние внешней обработки стильбенами на устойчивость растений арабидопсиса *Arabidopsis thaliana* и томата *Solanum lycopersicum* к абиотическим стрессам»
А.А. Береш, Е.В. Трубецкая, О.А. Алейнова, З.В. Огнева, А.Р. Супрун, К.К. Киселев
3. **Бикташева Мария Олеговна**, лаборант-исследователь, СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
«Изменение экспрессии генов, кодирующих Н⁺-АТФазу плазмалеммы клеток колеоптилей проростков риса при затоплении»
М.О. Бикташева, А.А. Кирпичникова, М.Ф. Шишова
4. **Вахтеева Евгения Аликовна**, студент, ИГУ, Иркутск, Россия
«Дифференциальная экспрессия генов, связанных с острым и хроническим температурным стрессом у байкальского омуля (*Coregonus migratorius*) и пеляди (*C. peled*)»
Е.А. Вахтеева, А.А. Епифанцев, А.Г. Королев, Т.В. Сидорова, С.А. Потапов, Л.В. Суханова, О.Ю. Глызина, В.М. Черезова, В.М. Яхненко, Ю.П. Сапожникова
5. **Володенко Даниил Васильевич**, студент, ЮФУ, Ростов-на-Дону, Россия
«Оценка степени дегградации ДНК в зависимости от условий хранения»
6. **Вязовой Артем Алексеевич**, агроном, СамНИИСХ – филиал СамНЦ РАН, Самарская область, пгт. Безенчук, Россия
«Оценка перспективного материала картофеля по устойчивости к патогенам с использованием методов маркер-ассоциированной селекции»
А.А. Вязовой, А.Л. Бакунов, С.Л. Рубцов, Н.В. Гулаева, А.В. Милехин
7. **Данилова Ольга Андреевна**, студент, КФУ, Казань, Россия
«Первые сведения о представленности генов метаболизма фосфора в выщелоченном черноземе Приобья»
О.А. Данилова, М.И. Маркелова, А.А. Данилова
8. **Дерюженко Максим Алексеевич**, м.н.с., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
"Meta-analysis of the heat shock response of *Drosophila melanogaster*"
М.А. Deryuzhenko, N.E. Gruntenko

9. **Днепровская Алина Александровна**, лаборант-исследователь, ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток, Россия
«Идентификация патогенов винограда Приморского края России при помощи высокопроизводительного секвенирования»
А.А. Днепровская, Н.Н. Нитяговский, К.В. Киселёв, О.А. Алейнова
10. **Досжанова Ботакоз Нурмаганбетовна**, м.н.с., ИББР, Алматы, Казахстан
"Genome-wide association study of seed protein and oil content in a soybean collection from Southeast Kazakhstan"
11. **Епифанцев Александр Алексеевич**, студент, ИГУ, Иркутск, Россия
«Исследование влияния температурной адаптации на стрессовые реакции байкальского сига (*Coregonus baikalensis*) с использованием транскриптомного анализа»
А.А. Епифанцев, Е.А. Вахтеева, А.Г. Королева, Т.В. Сидорова, С.А. Потапов, Л.В. Суханова, О.Ю. Глызина, В.М. Черезова, В.М. Яхненко, Ю.П. Сапожникова
12. **Кандина Дарья Алексеевна**, инженер-исследователь, ЦТРГ ИТБМ СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
"The CRISPR/Cas9 genome editing system to obtain a targeted deletion in the *iucA* gene of *Klebsiella pneumoniae*"
D. Kandina, J. Sopova, M. Velizhanina
13. **Кириллов Олег Андреевич**, лаборант-исследователь, ЦТРГ ИТБМ СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
«Создание конструкций для направленной вставки генетически кодируемых индикаторов мембранного потенциала Voltron и Positron в локус *Rosa26*»
О. Кириллов, И. Ахмаров, А. Чиринская, Ю. Сопова, Е. Леонова
14. **Коваленко Анна Валерьевна**, студент, К(П)ФУ, Казань, Россия
«Представленность генов метаболических путей трансформации органического вещества в черноземе выщелоченном Приобья»
15. **Корженевский Максим Анатольевич**, м.н.с., ИЛ КарНЦ РАН, Петрозаводск, Россия
"Sugar transporter genes' differential expression in Karelian birch (*Betula pendula* var. *carelica*) trunk tissues under different xylogenesis scenarios"
М.А. Korzhenevskiy, А.К. Pomeranets, О.В. Gorshkov, Yu.L. Moshchenskaya, N.A. Galibina
16. **Макеева Владлена Сергеевна**, аспирант, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
«Влияние ингибитора PARP1 на развитие патологических процессов в нейтральных производных, полученных из ИПСК пациента с болезнью Хантингтона»
17. **Мегер Яков Васильевич**, м.н.с., СевГУ, Севастополь, Россия
«Анализ плоидности партеногенетических и половых популяций рода *Artemia* на основе частот гетерозиготных к-меров по данным wgs секвенирования»
Я.В. Мегер, А.О. Лантушенко, М.П. Евстигнеев
18. **Нитяговский Николай Николаевич**, м.н.с., ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток, Россия
«Транскриптомный анализ растений *Arabidopsis thaliana* после обработки стильбенами, кумаровой и салициловой кислотой»
Н.Н. Нитяговский, О.А. Алейнова, Е.В. Трубецкая, К.В. Киселёв
19. **Перик-Заводский Роман Юрьевич**, м.н.с., НИИФКИ, Новосибирск, Россия
«Мультиомика единичных эритроидных клеток костного мозга»
20. **Пономарева Елизавета Романовна**, лаборант, К(П)ФУ, Казань, Россия
«Влияние агроприемов на генетический потенциал микробиоты почв Приобья, связанный с метаболизмом азота»
Е. Пономарева, М. Маркелова, А. Данилова
21. **Родионов Константин Ильич**, аспирант, ВИР, Санкт-Петербург, Россия
«Стратегия изучения источников устойчивости картофеля к бактериальным заболеваниям из коллекции ВИР»
К. Родионов, М. Ситников
22. **Рай Адарш / Rai Adarsh**, student, Siberian State Medical University, Tomsk, India / Russia
"Revolutionizing Plant Phenotyping: Unleashing the Power of Hyperspectral and Multispectral Analysis Technologies"

23. **Рай Ашутос** / Rai Ashutosh, student, Siberian State Medical University, Tomsk, India / Russia
“Genotype and Environment interaction in Genomic Selection”
24. **Супрун Андрей Романович**, с.н.с., к.б.н., ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток, Россия
«Поиск стильбен-содержащих эндофитов винограда *Vitis amurensis*»
А.Р. Супрун, А.А. Ананьев, К.В. Киселёв, О.А. Алейнова
25. **Хакимов Мухаммадали Бахтиёр угли**, лаборант-исследователь, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Узбекистан / Россия
«Анализ коллекционного материала свёклы *Beta vulgaris* L. с использованием SSR-маркеров»
М.Б. Хакимов, О.Г. Смирнова, Е.А. Салина
26. **Черезова Валерия Максимовна**, ведущий инженер, ЛИИ СО РАН, Иркутск, Россия
«ДНК-транспозоны DTSSa4 в транскриптомах сиговых рыб оз. Байкал»
В.М. Черезова, Т.Ю. Майор, Т.В. Сидорова, Ю.П. Сапожникова, А.Г. Королева, Л.В. Суханова
27. **Шишкина Ольга Дмитриевна**, м.н.с., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
«Генетические особенности штамма *Wolbachia* wMelPlus и механизм его влияния на устойчивость *Drosophila melanogaster* к острому тепловому стрессу»
О.Д. Шишкина, М.А. Дерюженко, О.В. Андреевкова, М.А. Бобровских, Н.В. Шацкая, Г.В. Васильев, А.Е. Коренская, А.И. Клименко, Н.Е. Грунтенко
28. **Юрова Эвелина Олеговна**, студент, ЮФУ, Ростов-на-Дону, Россия
«Степень деградации ДНК в зависимости от условий хранения»
Э.О. Юрова, Д.В. Володенко

Постерные доклады вне конкурса Poster presentations out of competition

1. Сорогина Д.А.¹, Погосова М.А.¹, Блохин М.Е.², Хвостов М.В.², Закиян С.М.¹
¹ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия, ² НИОХ СО РАН, Новосибирск, Россия
«Создание тест-системы для оценки специфичности агонистов экспериментальных лигандов рецепторов, активируемых пероксисомными пролифераторами (PPAR) *in vitro*»
2. Шульгина А.Е., Сорогина Д.А., Погосова М.А., Павлова С.В., Дементьева Е.В., Закиян С.М., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
«Кардиомиоциты из ИПСК с патогенным вариантом с.966G > A в гене *MYBPC3* являются клеточной моделью для изучения гипертрофической кардиомиопатии»

11:30–12:50 – Секция «Доклады молодых ученых» – устные доклады (продолжение) Section “Reports of young scientists” – oral reports (continuation)

3. **Алрхмун Салех**, м.н.с., НИИФКИ, Новосибирск, Сирия / Россия
«Современные подходы к иммунотерапии рака: выявление антигенспецифичных TCR с помощью секвенирования единичных клеток»
С. Алрхмун, М.С. Фишер, Ю.А. Лопатникова, О.Ю. Перик-Заводская, М.О. Волюнец, Р.Ю. Перик-Заводский, Ю.А. Шевченко, К.В. Назаров, Ю.Г. Филиппова, А. Алсаллум, В.В. Курилин, А.Н. Силков, С.В. Сенников
4. **Ахмаров Ильяс Идрисович**, лаборант-исследователь, ЦТРГ ИТБМ СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
“Challenges of modelling epilepsy in mice: the example of *kcna1* gene knockout”
I. Akhmarov, O. Kirillov, A. Chirinskaite, J. Sopova, E. Leonova
5. **Лушников Иван Валерьевич**, лаборант-исследователь, Томский НИМЦ, Томск, Россия

«Уровень метилирования ретротранспозона LINE-1 коррелирует в ворсинах хориона спонтанных абортусов из одних и тех же семейств»

И.В. Лушников, В.В. Деменова, С.А. Васильев

6. **Кандина Дарья Алексеевна**, инженер-исследователь, ЦТРГ ИТБМ СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
“The CRISPR/Cas9 genome editing system to obtain a targeted deletion in the *iucA* gene of *Klebsiella pneumoniae*”
D. Kandina, J. Sopova, M. Velizhanina
7. **Емельянов Сергей Романович**, студент, ВСГУТУ, Улан-Удэ, Россия
«Сборка *de novo* транскриптомов органов иммунной системы рыб»
С.Р. Емельянов, В.М. Васина, И.А. Кутырев
8. **Перик-Заводская Ольга Юрьевна**, м.н.с., НИИФКИ, Новосибирск, Россия
«Таргетированная транскриптомика NanoString и scRNA-seq раскрывает иммунорегуляторный потенциал эритроидных клеток плаценты человека и мыши»
О.Ю. Перик-Заводская, Р.Ю. Перик-Заводский, К.В. Назаров, С. Алрхмун, Ю.А. Шевченко, С.В. Сенников
9. **Деева Анна Андреевна**, с.н.с., Сургутский государственный университет, Сургут, Россия
“Solvent-driven structural dynamics of NAD(P)H:FMN-oxidoreductase”
D.S. Pahtusov, A.A. Deeva
10. **Шевцов Даниил Геннадьевич**, м.н.с., ТНИМЦ НИИ МГ, Томск, Россия
«Анализ аномалий эпигенетического ландшафта хориона при различных патологиях беременности»
Д.Г. Шевцов, А.С. Зуев, О.Ю. Васильева, Е.А. Саженова, Е.Н. Толмачева, Т.В. Никитина, С.А. Васильев

28 ноября 2024, четверг

Конференц-зал на 3-м этаже главного корпуса ИЦиГ СО РАН, просп. Лаврентьева, 10

November 28, 2024, Thursday

Conference room on the 3rd floor of the main building of ICG SB RAS, Prospekt Lavrentyeva 10

09:00–10:00	Землянская Елена Васильевна , в.н.с., к.б.н., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия <i>Метаанализ транскриптомных данных</i>	Zemlyanskaya Elena , ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia <i>Metaanalysis of transcriptomic data</i>
10:00–11:00	Перик-Заводский Роман Юрьевич , м.н.с., НИИФКИ, Новосибирск, Россия <i>Интегративный анализ данных транскриптома и протеома единичных клеток при помощи метода Seurat Weighted Nearest Neighbors</i>	Perik-Zavodsky Roman , NIIKEL, Novosibirsk, Russia <i>Integrative analysis of single cell transcriptome and proteome data using Seurat Weighted Nearest Neighbors</i>
11:00–11:30	 Кофе-брейк	 Coffee break
11:30–12:30	Мин Чень , профессор, Чжэцзянский университет, Ханчжоу, Китай Почетный доктор Сибирского отделения РАН <i>Некодирующие РНК и их интегрированные сети</i>	Ming Chen , professor, Zhejiang University, Hangzhou, China <i>Non-coding RNAs and Their Integrated Networks</i>

12:30–14:00



Обед



Lunch

14:00–16:00

Практические занятия – параллельные группы

Practice sessions – parallel groups

Практика № 1

Сидорчук Юрий Владимирович, н.с., к.б.н., **Маренкова Татьяна Владиславовна**, н.с., к.б.н., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
Методы доставки генетических конструкций в клетки для редактирования генома растений
Селекционно-генетический комплекс (СГК) + теплицы, комнаты 2123, 2125

Practice № 1

Sidorchuk Yuri, Marenkova Tatiana, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia
Methods of delivery of genetic constructs into cells for plant genome editing
Selection and genetic complex + greenhouses, rooms 2123, 2125

Нижеперечисленные практики будут проходить в учебно-образовательном корпусе № 9 «Биодема», проспект Лаврентьева, 6/6

The following practices will be held at the educational building No. 9 “Biodem”, Prospekt Lavrentyeva 6/6

Практика № 4

Долгих Владислав Андреевич, м.н.с., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
От мотивов связывания транскрипционных факторов к экспрессии генов. Что можно узнать из данных ChIP-seq эксперимента
Аудитория 9212

Practice № 4

Dolgikh Vladislav, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia
From transcription factor binding motifs to gene expression. What can be learned from ChIP-seq experimental data
Classroom 9212

Практика № 6

Фишман Вениамин Семенович, в.н.с., к.б.н., ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
Аннотация геномов при помощи трансформера GENA
Аудитория 9213

Practice № 6

Fishman Veniamin, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia
Genome annotation with GENA Transformer
Classroom 9213

Практика № 9

Вензель Артур Сергеевич, м.н.с., ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия
Компьютерный анализ и дизайн пространственных структур белков
Аудитория 9217

Practice № 9

Venzel Artur, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia
Computational analysis and design of protein three-dimensional structures
Classroom 9217

16:00–16:30



Кофе-брейк



Coffee break

16:30–18:30

Практика № 1 – продолжение
Селекционно-генетический комплекс (СГК) + теплицы, комнаты 2123, 2125

Practice № 1 – continuation
Selection and genetic complex + greenhouses, rooms 2123, 2125

Нижеперечисленные практики будут проходить в учебно-образовательном корпусе № 9 «Биодема», проспект Лаврентьева, 6/6

The following practices will be held at the educational building No. 9 “Biodem”, Prospekt Lavrentyeva 6/6

Практика № 4 – продолжение
Аудитория 9212

Practice № 4 – continuation
Classroom 9212

Практика № 9 – завершение
Аудитория 9217

Practice № 9 – final session
Classroom 9217

29 ноября 2024, пятница

Конференц-зал на 3-м этаже главного корпуса ИЦиГ СО РАН, просп. Лаврентьева, 10

November 29, 2024, Friday

Conference room on the 3rd floor of the main building of ICG SB RAS, Prospekt Lavrentyeva 10

09:00–10:30 **Киселёва Антонина Андреевна**,
с.н.с., к.б.н., ИЦиГ СО РАН,
Новосибирск, Россия
*Методы геномного
редактирования растений*


Kiseleva Antonina, ICG
SB RAS, Novosibirsk, Russia
*Methods of genomic
editing of plants*


10:30–10:50  Кофе-брейк

 Coffee break

10:50–12:20 **Мин Чень**, профессор, Чжэцзянский
университет, Ханчжоу, Китай
Почетный доктор Сибирского
отделения РАН
*Платформа для интеграции и
анализа омиксных данных растений
для молекулярной селекции –
тематическое исследование*

Ming Chen, professor,
Zhejiang University,
Hangzhou, China
*Plant Omics Integration
and Analysis Platform
for Molecular Breeding –
A Case Study*

12:20–14:00  Обед

 Lunch

14:00–16:00 Экскурсия по ИЦиГ СО РАН
для участников, у которых
в это время нет практик

Excursion to the ICG SB RAS for
participants who do not have
practice sessions at this time

14:00–16:00 *Практические занятия –
параллельные группы*

*Practice sessions –
parallel groups*

Практика № 1 – продолжение
Селекционно-генетический комплекс
(СГК) + теплицы, комнаты 2123, 2125

Practice № 1 – continuation
Selection and genetic
complex + greenhouses,
rooms 2123, 2125

Практика № 4 - продолжение
Учебно-образовательный
корпус № 9 «Биодема», проспект
Лаврентьева, 6/6, аудитория 9212

Practice № 4 – continuation
The educational building
No. 9 “Biodem”, Prospekt
Lavrentyeva 6/6, classroom
9212

16:00–16:30  Кофе-брейк

 Coffee break

16:30–18:30 **Практика № 1 – продолжение**
Селекционно-генетический
комплекс (СГК) + теплицы,
комнаты 2123, 2125

Практика № 4 – завершение
Аудитория 9212

Practice № 1 – continuation
Selection and genetic
complex + greenhouses,
rooms 2123, 2125

Practice № 4 – final session
Classroom 9212

30 ноября 2024, суббота

Конференц-зал на 3-м этаже главного корпуса ИЦиГ СО РАН, просп. Лаврентьева, 10

November 30, 2024, Saturday

Conference room on the 3rd floor of the main building of ICG SB RAS, Prospekt Lavrentyeva 10

09:00–11:00 **Практика № 1 – продолжение**
Селекционно-генетический
комплекс (СГК) + теплицы,
комнаты 2123, 2125

Practice № 1 – continuation
Selection and genetic
complex + greenhouses,
rooms 2123, 2125

09:00–11:30 Экскурсия в оранжереи Ботанического сада для участников, у которых в это время нет практик (отъезд от главного корпуса ИЦиГ СО РАН в 09:30, отъезд от Ботсада в 11:30, приезд в ИЦиГ СО РАН в 12:00)

A tour of the Botanical's greenhouses for participants who do not have a practice at the time (Departure from the main building of ICG at 09:30, departure from the Botanical Garden at 11:30, arrival at ICG at 12:00)

11.00–11.30 ☕ Кофе-брейк

☕ Coffee break

11:30–13:30 **Практика № 1 – завершение**
Селекционно-генетический комплекс (СГК) + теплицы, комнаты 2123, 2125

Practice № 1 – final session
Selection and genetic
complex + greenhouses,
rooms 2123, 2125

13:30–14:30 ☕ Обед

☕ Lunch

14:30–15:30 **Фишман Вениамин Семенович**,
в.н.с., к.б.н., ФИЦ ИЦиГ СО РАН,
Новосибирск, Россия
*Методы искусственного интеллекта
в науках о жизни*

Fishman Veniamin,
ICG SB RAS, Novosibirsk,
Russia
*Artificial Intelligence Methods
in Life Sciences*

15:30–16:00 **ЗАКРЫТИЕ ШКОЛЫ**
Подведение итогов и награждение
победителей в конкурсе докладов
молодых ученых

CLOSING OF THE SCHOOL
Summary and awarding
of winners in the young
scientists' presentation contest

16:00–16:30 ☕ Кофе-брейк

☕ Coffee break

Тезисы докладов

Abstracts

Современные подходы к иммунотерапии рака: выявление антигенспецифичных TCR с помощью секвенирования единичных клеток

Алрхмун С.^{1,2*}, Фишер М.С.¹, Лопатникова Ю.А.¹, Перик-Заводская О.Ю.¹,
Волынец М.О.¹, Перик-Заводский Р.Ю.¹, Шевченко Ю.А.¹, Назаров К.В.¹,
Филиппова Ю.Г.¹, Алсаллум А.¹, Курилин В.В.¹, Силков А.Н.¹, Сенников С.В.^{1,3}

¹ Научно-исследовательский институт фундаментальной и клинической иммунологии, Новосибирск, Россия

² Факультет естественных наук, Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Институт медицины и медицинских технологий, кафедра иммунологии, Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

* saleh.alrhoun1@gmail.com

Ключевые слова: TCR-T-клеточная терапия; секвенирование единичных клеток; TCRscape

Мотивация и цель: T-клеточная терапия (TCR-T), как одна из перспективных форм адаптивной клеточной терапии, является передовой стратегией борьбы с солидными опухолями. Однако текущие методы разработки TCR-T позволяют получить лишь ограниченное количество кандидатов TCR, что не позволяет раскрыть весь возможный репертуар антигенспецифичных TCR и затрудняет выделение наиболее эффективных рецепторов. Это ограничение подчеркивает потребность в усовершенствовании подходов к разработке TCR-T для применения в TCR-T-клеточной терапии.

Методы и алгоритмы: Дендритные клетки условно здоровых доноров нагружали иммуногенными пептидами для получения антигенспецифичных CD8+ T-лимфоцитов из периферической крови, после чего репертуар полноразмерных TCR анализировали с помощью секвенирования мРНК единичных клеток. Этот анализ включал оценку доминантности клонотипов, транскриптома и вероятности связывания с комплексом пептид/МНС с использованием инструмента TCRscape, разработанного в нашей лаборатории, и ERGO-II. Завершили анализ с группировкой клеток через HDBSCAN и выделением доминирующих клонотипов на основе прогнозируемых вероятностей связывания и числа клеток на клонотип.

Результаты: Разработанный протокол демонстрирует значительное повышение количества антигенспецифичных T-клеток, увеличивая их популяцию более чем в 200 раз. Благодаря этому подходу удалось успешно идентифицировать свыше 100 уникальных клонотипов антигенспецифичных TCR. Полученные в результате TCR-T-клетки проявляют высокую цитотоксическую активность и избирательность в отношении целевого антигена.

Заключение: Нами был разработан комплексный подход для обнаружения и анализа полного репертуара природных антигенспецифичных TCR, что позволяет определить наиболее эффективные TCR-кандидаты для создания TCR-T-клеточной терапии. Этот протокол также можно адаптировать к разным антигенам и вариантам МНС, делая его универсальным инструментом.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 21-65-00004.

Изменчивость биоразнообразия эндофитов модельного растения *Arabidopsis thaliana* при совместном проращивании с бактериями и грибами из дикорастущего винограда *Vitis amurensis*

Ананьев А.А.*, Нитяговский Н.Н., Алейнова О.А.

Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии, ДВО РАН, Владивосток, Россия

* ananev.all@yandex.ru

Ключевые слова: грибы; бактерии; микробиом; биостимуляторы растений

Мотивация и цель: Эндофитный микробиом растений представляет собой интерактивные отношения, построенные на взаимной выгоде микроорганизмов и растения-хозяина. В последние годы популярно использовать в сельском хозяйстве различные биопрепараты на основе эндофитных микроорганизмов. Дикорастущий виноград *Vitis amurensis* Rupr. устойчив к некоторым широко распространенным патогенам винограда и низким температурам. Поэтому изучение влияния эндофитных микроорганизмов *V. amurensis* на рост, устойчивость к стрессам и изменение естественного микробиома растений является интересной задачей. Цель – изучить изменение микробиома модельного растения *Arabidopsis thaliana* L. при совместном проращивании с эндофитами винограда *V. amurensis*.

Методы и алгоритмы: Стерильные семена *A. thaliana* инокулировали эндофитами, выделенными из тканей *V. amurensis*. Выделение ДНК для метагеномного секвенирования (NGS) осуществляли на вторую неделю проращивания. Высокопроизводительное секвенирование выполняла компания ООО Синтол по технологии Illumina MiSeq. Таксономическая идентификация последовательностей была выполнена с использованием метода QIIME 2 Scikit-learn. Данные о альфа-разнообразии Шеннона были получены с использованием пакетов R phyloseq. Статистический анализ проводили методом ANOVA с тестом Дункана. Отличительные таксоны уровня рода были найдены с помощью DESeq2.

Результаты: Наибольшие изменения в составе микробиома *A. thaliana* при воздействии эндофитов винограда было в бактериальном составе. Так, например, инокуляция бактерий рода *Gordonia* позитивно повлияла на представленность 9 бактериальных родов и негативно на 10 родов. Добавление бактерии рода *Curtobacterium* увеличило представленность 13 бактериальных родов и снизило 5 родов. Добавление грибов, относящихся к роду *Xylaria*, увеличило представленность 11 родов и снизило у 3 бактериальных родов.

Заключение: Показано, что количество ампликонов используемых эндофитов винограда возрастает в NGS профилях двухнедельных проростков *A. thaliana*. Более того, это приводит к некоторым изменениям в бактериальных сообществах, детальное исследование которых продолжается.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-74-10001, <https://rscf.ru/project/22-74-10001>.

Влияние внешней обработки стилибенами на устойчивость растений арабидопсиса *Arabidopsis thaliana* и томата *Solanum lycopersicum* к абиотическим стрессам

Береш А.А.^{1,2*}, Трубецкая Е.В.¹, Алейнова О.А.¹, Огнева З.В.¹, Супрун А.Р.¹, Киселев К.К.¹

¹ Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия

² Дальневосточный федеральный университет, Владивосток, Россия

* a.beresh@mail.ru

Ключевые слова: ауксины; кумаровая кислота; флавоноиды; глюкозинолаты; пицеид; резвератрол; устойчивость к абиотическому стрессу; арабидопсис; томат

Мотивация и цель: Известно, что стилибены, включая резвератрол, защищают растения от различных стрессовых факторов и благотворно влияют на здоровье человека. Однако механизм их работы в растениях остается недостаточно изученным. Ранее мы проанализировали влияние прямого нанесения стилибенов, его предшественников и растворов экстрактов на поверхность листьев модельного растения *Arabidopsis thaliana* с целью повышения его устойчивости к различным абиотическим стрессам, включая жару, холод, засуху и засоление почвы [1]. Результаты показали достоверное повышение устойчивости *A. thaliana* к жаре. Затем мы проанализировали участие генов стрессоустойчивости, а также метаболизма фитогормонов в механизме этой устойчивости [1]. На основе полученных данных было принято решение адаптировать эксперимент для ценного сельскохозяйственного растения – томата *Solanum lycopersicum*.

Методы и алгоритмы: Экзогенная обработка осуществлялась путем опрыскивания поверхности листьев *S. lycopersicum* водными растворами (1 и 5 мМ) стилибенов (трансрезвератрол, пицеид и экстракт еловой коры) и фенольного предшественника (п-кумаровая кислота), контрольная группа обрабатывалась водой. После 12 ч обработки моделировали температурный стресс при 45 °С в течение 4.5 ч.

Результаты: Обработка стилибенами (в большей степени пицеид и экстракт ели) привела к повышению устойчивости растений томата *S. lycopersicum* и их выживаемости в условиях высокой температуры.

Заключение: Таким образом, экзогенные стилибены способны улучшить выживаемость растений в условиях высокой температуры. Настоящая работа дает новое представление о применении стилибенов для повышения устойчивости сельскохозяйственных растений к стрессу.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант № 22-16-00078.

Список литературы

1. Aleynova O.A. et al. The effect of external treatment of *Arabidopsis thaliana* with plant-derived stilbene compounds on plant resistance to abiotic stresses. *Plants*. 2024;13(2):184. doi 10.3390/plants13020184

Изменение экспрессии генов, кодирующих H^+ -АТФазу плазмалеммы клеток coleoptилей проростков риса при затоплении

Бикташева М.О.* , Кирпичникова А.А., Шишова М.Ф.

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

* marybiki@gmail.com

Ключевые слова: H^+ -АТФаза плазмалеммы; рост растяжением; coleoptиль

Мотивация и цель: Рост растяжением – уникальная черта растительных клеток. Это сложный многоэтапный процесс, начальным этапом которого являются ауксин-зависимая активация H^+ -АТФазы плазмалеммы и последующее закисление клеточной стенки [1]. При недостатке кислорода механизм роста растяжением до конца не изучен [2]. В том числе дискуссионной остается ведущая роль H^+ -АТФазы плазмалеммы при резком снижении энергетического обмена. В связи с этим особый интерес представляет сравнительный анализ регуляции активности H^+ -АТФазы на транскрипционном уровне в ходе роста в норме (нормоксия) и при затоплении (гипоксия).

Методы и алгоритмы: Модельный объект нашего исследования – coleoptили риса (*Oryza sativa* L.: сорта Аметист и Кубань-3, различающиеся по скорости нативного роста). Пробы отбирали из coleoptилей проростков риса, выращенных в этиолированных условиях гипоксии и нормоксии на 3, 4, 5 и 7-е сутки развития. Из них экстрагировали РНК. Анализ экспрессии генов *OSA* 1-10 проводили с помощью ОТ-ПЦР-РВ (гены сравнения *OsGAPDH1* и *OsUBQ5*).

Результаты: В результате сравнительного анализа экспрессии семейства генов, кодирующих H^+ -АТФазу, обнаружены существенные различия. При нормальной аэрации наибольшие изменения отмечены для быстрорастущего сорта Кубань-3. Накопление продуктов экспрессии генов *OSA* 1 и 7 соответствует активации роста и развития coleoptилей. Для *OSA* 3, 5 и 8 в нормоксии можно увидеть обратную тенденцию: экспрессия достоверно снижалась с возрастом проростков. Изменение экспрессии генов *OSA* 2, 4, 9, 10 не выявлено.

Значительно снизился уровень экспрессии протестированных генов H^+ -АТФазы в условиях недостатка кислорода. Однако для большинства генов: *OSA* 3, 5, 6 и 7 – отмечено усиление экспрессии на 5-е сутки развития с началом роста растяжением coleoptилей затопленных проростков.

Заключение: Таким образом, выявленные различия в экспрессии генов семейства *OSA* отражают изменения ростовой активности в условиях различного снабжения кислородом.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант № 22-14-00096.

Список литературы

1. Kirpichnikova A., Chen T., Teplyakova S., Shishova M. Proton pump and plant cell elongation. *Biological Communications*. 2018;63(1):32-42. doi 10.21638/spbu03.2018.105
2. Кирпичникова А.А., Кудоярова Г.Р., Емельянов В.В., Шишова М.Ф. Особенности роста растяжением клеток coleoptилей злаков в норме и при затоплении. *Экологическая генетика*. 2023;21(4):401-417. doi 10.17816/ecogen623901

Дифференциальная экспрессия генов, связанных с острым и хроническим температурным стрессом у байкальского омуля (*Coregonus migratorius*) и пеляди (*C. peled*)

Вахтеева Е.А.^{1*}, Епифанцев А.А.¹, Королева А.Г.², Сидорова Т.В.²,
Потапов С.А.², Суханова Л.В.², Глызина О.Ю.², Черезова В.М.², Яхненко В.М.²,
Сапожникова Ю.П.²

¹Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

²Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия

* vakhiteevaevgenia@mail.ru

Ключевые слова: острый и хронический тепловой шок; сиговые рыбы; транскриптом

Мотивация и цель: Сложная природа терморегуляции у сиговых рыб усложняет определение их физиологического статуса на основе маркерных генов [1]. Данное исследование направлено на сравнение дифференциальной экспрессии генов (ДЭГ) после острого и хронического теплового стресса у байкальского омуля и пеляди, экономически значимых видов, перспективных для аквакультуры.

Методы и алгоритмы: Молодь содержали 1.5 мес при 9–12 °С с последующим воздействием острого шока (нагрев до 21 °С за 1 ч) и хронического стресса (нагрев до 21 °С за 24 ч 3 раза в неделю в течение 1 мес) в условиях ПАК ЛИИ СО РАН. После RNA-Seq DE (Illumina NovaSeq 6000) проводилась сборка транскриптов *de novo*. Для анализа ДЭГ использовали EdgeR v4.0.3, Bowtie2 v2.3.5.1 и Trinity v2.8.5, а также базу UniProtKB/SwissProt для аннотации. Анализ обогащения проведен с использованием баз GO и KEGG.

Результаты: HSP-70, HSP-90 и HSPb11 показали наибольшую экспрессию в ответ на острый шок у обоих видов. У омуля в ответ на острый и хронический стресс Сyt С и HbP реагировали снижением экспрессии. S-СК повышала экспрессию после острого шока у омуля и после хронического стресса у пеляди. Экспрессия СуРВ и СА была повышена у омуля во всех группах. Подобная тенденция отмечена для HbP и Сyt С у пеляди.

Заключение: Получен набор ДЭГ, который указывает на транскрипционные корректировки, вызванные острым или хроническим стрессом у видов, значительно отличающихся по физиологии. Омуль показал выраженную реакцию на острый шок, в то время как у пеляди ДЭГ изменяли экспрессию после хронического стресса. Эта информация будет способствовать дальнейшему пониманию механизмов стрессоустойчивости сиговых рыб.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-24-00644.

Список литературы

1. Koroleva A.G. et al. Acclimation during embryogenesis remodulates telomerase activity and gene expression in Baikal whitefish Larvae, mitigating the effects of acute temperature stress. *Animals*. 2024;14:2839

Анализ паттерна метилирования промоторов генов, кодирующих АБК-зависимые факторы транскрипции ABI3, ABI4 и ABI5, в зародышевых осях *Pisum sativum* L. на этапе перехода от семени к проростку

Вилис П.С.^{1*}, Крылова Е.А.^{1,2}, Хлесткина Е.К.², Медведев С.С.¹, Смоликова Г.Н.¹

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

² Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

* st096352@student.spbu.ru

Ключевые слова: семена; устойчивость к обезвоживанию; гидропрайминг; экспрессия генов; метилирование; абсцизовая кислота

Мотивация и цель: Ортодоксальные семена высших растений приобретают устойчивость к обезвоживанию на поздних стадиях созревания. Это свойство помогает семенам поддерживать жизнеспособность в состоянии покоя. Потеря устойчивости к обезвоживанию происходит на этапе перехода от семени к проростку. При этом прорастающие семена могут быть высушены без потери жизнеспособности и продолжить метаболические процессы при регидратации. Известно, что приобретение устойчивости к обезвоживанию находится под контролем сети транскрипционных факторов LAFL (LEC1, ABI3, FUS3 и LEC2). Однако механизмы потери этого типа устойчивости изучены недостаточно. Объектом исследования служили семена и проростки гороха (*P. sativum*). Ранее мы показали, что после инициации роста корня в зародышевых осях гороха из сети LAFL только *PsABI3* имел ненулевую экспрессию, но при этом наблюдалась экспрессия *PsABI4* и *PsABI5*. Целью нашей работы было изучение экспрессии генов *PsABI3*, *PsABI4* и *PsABI5*, а также анализ паттерна метилирования их промоторов в ювенильных проростках гороха.

Методы и алгоритмы: В эксперименте использовали необработанные семена (контроль) и семена, подвергшиеся набуханию–высушиванию при прорастании (гидропрайминг). Семена проращивали 72 ч, далее высушивали до исходного состояния и регидратировали. РНК и ДНК выделяли из зародышевых осей. Экспрессию генов изучали методом ПЦР с обратной транскрипцией. Метилирование промоторов генов изучали методом бисульфитного секвенирования.

Результаты: Высушивание проростков приводило к увеличению экспрессии *PsABI3*, *PsABI4* и *PsABI5* в среднем в 6 раз. Гидропрайминг усиливал этот эффект: экспрессия *PsABI4* повышалась в 10 раз и *PsABI5* в 20 раз. На фоне высокой степени метилирования в промоторах изученных генов имелись неметилированные участки, паттерн которых отличался у контрольных семян и семян после гидропрайминга.

Заключение: Выдвинута гипотеза о том, что циклы «набухания–высушивания» приводят к реактивации АБК-зависимых генов *PsABI3*, *PsABI4* и *PsABI5*.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант № 20-16-00086-П.

Оценка перспективного материала картофеля по устойчивости к патогенам с использованием методов маркер-ассоциированной селекции

Вязовой А.А. *, Бакунов А.Л., Рубцов С.Л., Гулаева Н.В., Милехин А.В.
Самарский Федеральный исследовательский центр РАН, Самарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства им. Н.М. Тулайкова, Безенчук, Россия
* artioo11201@gmail.com

Ключевые слова: картофель; гибрид; полимеразная цепная реакция; патоген; гены устойчивости

Мотивация и цель: Картофель (*Solanum tuberosum* L.) является одним из основных культурных растений и важным продуктом питания во многих странах мира [1]. Засуха, высокая температура воздуха и вследствие этого вирусная инфекция значительно снижают урожайность картофеля. Актуальная проблема селекции картофеля – повышение устойчивости вновь создаваемых сортов к наиболее вредоносным патогенам [2].

Методы и алгоритмы: Объект исследований – сорта картофеля Джулия и Гелия (оригинатор ООО «Агростар») и гибриды картофеля среднеранней группы спелости, проходящие конкурсное испытание в Самарском НИИСХ – филиале СамНИЦ РАН. Наличие ДНК-маркеров, сцепленных с генами иммунитета к вирусу картофеля Y и X, устойчивости к золотистой нематоде, бледной нематоде и раку картофеля определяли методом ПЦР с детекцией капиллярным электрофорезом.

Результаты: Молекулярно-генетический анализ показал, что весь исследованный материал картофеля содержит в генотипе 3 или 4 маркера генов устойчивости к золотистой картофельной нематоде и раку картофеля. Ген устойчивости к бледной нематоде выявлен у сорта Гелия и гибридов 6/19, 2749-9 и 2606-2. Наличие в генотипе генов, обуславливающих иммунитет к Y-вирусу картофеля, показано у сортов Джулия, Гелия, гибрида 2749-9 (Ry_{sto}) и у гибрида 2606-2 (Ry_{adg}). При этом сорт Гелия и гибриды 2749-9, 2606-2 сочетают иммунитет как к Y-вирусу, так и к X-вирусу картофеля, а гибрид 6/19 имеет иммунитет только к X-вирусу картофеля.

Заключение: Выделены генотипы картофеля, представляющие наибольшую ценность для агроклиматических условий Самарской области. Сорт Гелия, гибриды 2749-9 и 2606-2 характеризуются наличием генов устойчивости к максимальному количеству патогенов: вирусы картофеля X и Y, бледная и золотистая нематоды, рак картофеля.

Финансирование: Работа выполнена в рамках государственного задания FMRW-2024-0033.

Список литературы

1. George T., Taylor M., Dodd I., White P. Climate change and consequences for potato production: a review of tolerance to emerging abiotic stress. *Potato Research*. 2018;60(12):239-268
2. Rogozina E.V., Terentieva E.V., Potokina E.K., Yurkina E.N., Nikulin A.V., Alekseev Ya.I. Identification of parental forms for breeding potatoes resistant to diseases and pests by multiplex PCR analysis. *Agricultural Biology*. 2019;54(1):19-30

Первые сведения о представленности генов метаболизма фосфора в выщелоченном черноземе Приобья

Данилова О.А.^{1*}, Маркелова М.И.¹, Данилова А.А.²

¹ Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

² Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий РАН, п. Краснообск, Россия

* HiroomySci@gmail.com

Ключевые слова: агротехнологии; микробиом почв; функциональный потенциал; метаболизм фосфора; представленность генов

Мотивация и цель: Повышение продуктивности аграрного сектора невозможно без увеличения объемов применения фосфорных удобрений, ресурсы которых близки к истощению. Одним из перспективных направлений повышения эффективности использования фосфора является применение микробных биотехнологий. Микроорганизмы играют ключевую роль в повышении доступности фосфора в почве, участвуя в солюбилизации неорганических фосфатов, минерализации органического фосфора, всасывания и транспорта, а также регуляции, что способствует его усвоению растениями. В этой связи целью работы было изучение представленности генов (ПГ) метаболизма фосфора.

Методы и алгоритмы: Исследованы 18 почвенных образцов из стационарного опыта СФНЦА РАН (2002–2018 гг.) в окрестностях Новосибирска. Эксперимент включал три варианта обработки: многолетний чистый пар, отвальная вспашка, поверхностная обработка; образцы отобрали в трех точках по слоям 0–10 и 10–20 см. В опыте выращивали пшеницу при полном минеральном удобрении и защите растений. Из почв выделена тотальная ДНК с последующим секвенированием на платформе NextSeq500. Прочтения картировали на базу данных HUMAnN3 с последующей статистической обработкой в DESeq2.

Результаты: Среди генов, участвующих в солюбилизации неорганических фосфатов, выявлено увеличение представленности экзополифосфатазы *ppx* в почвах, подвергавшихся отвальной и поверхностной обработке. Кроме того, установлено увеличение ПГ минерализации органического фосфора (*phoD*, *phnJ*, *phnM*, *phnP*) в почвах, подвергавшихся отвальной и поверхностной обработке. Среди генов, участвующих во всасывании и транспорте фосфатов, отмечено снижение ПГ транспортера неорганических фосфатов *pit* в почвах после поверхностной обработки по сравнению с почвами чистого пара, а также увеличение ПГ транспортеров *sn*-глицерол-3-фосфата (*ugpA*, *ugpB*) в почвах, подвергавшихся отвальной и поверхностной обработке. Представленность генов регуляции фосфорного голодания *PhoR* была достоверно выше в почвах после отвальной и поверхностной обработки, а ПГ регуляторных систем (*phoB1*, *phoP*) была выше в почвах после отвальной вспашки.

Заключение: Повышенная представленность генов, ответственных за солюбилизацию, минерализацию, транспорт и регуляцию фосфора, выявлена в почвах, подвергавшихся отвальной и поверхностной обработке, что свидетельствует об активации микробного метаболизма фосфора.

Идентификация патогенов винограда Приморского края России при помощи высокопроизводительного секвенирования

Днепровская А.А.^{1,2*}, Нитяговский Н.Н.¹, Киселёв К.В.¹, Алейнова О.А.¹

¹ Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии, ДВО РАН, Владивосток, Россия

² Дальневосточный федеральный университет, Институт мирового океана, Владивосток, Россия

* dneprovskaya@yandex.ru

Ключевые слова: виноград; стратегии управления заболеваниями растений; *Vitis*; NGS

Мотивация и цель: Дальневосточные сорта винограда наиболее подвержены таким заболеваниям, как ложная мучнистая роса и пепелица (оидиум) винограда. Выбранные методы лечения против данных заболеваний иногда неэффективны, поэтому возникает вопрос, являются ли возбудителями этих заболеваний только *Plasmopara viticola* Berl. et Toni var. *amurensis* N. Golov. и *Uncinula necator* Burill? Цель работы – определить патогены дальневосточных сортов винограда с симптомами оидиума.

Методы и алгоритмы: Образцы винограда с симптомами оидиума были привезены из виноградника г. Спасск-Дальний Приморского края. Из образцов был выполнен микробиологический высеv бактерий и грибов и выделена ДНК для высокопроизводительного секвенирования (NGS) по методике, описанной в [1]. Полученные данные анализировали при помощи алгоритмов, см. [1].

Результаты: Анализ данных NGS выявил в пробах винограда с симптомами оидиума преобладающее содержание ампликонов грибов рода *Sarocladium*. *Sarocladium oryzae* – патоген растений, вызывающий болезнь «гниение оболочки» риса и «бамбуковый ожог» в Азии. Микробиологический высеv показал относительно высокое количество гриба *Rhizopus delemar*. Известно, что пептиды, секретируемые *Rhizopus arrhizus* var. *delemar*, усиливают патогенез грибов [2].

Заключение: Выявлены новые патогены винограда – грибы рода *Sarocladium* и *Rhizopus*, которые вызывают симптомы схожие с пепелицей винограда (оидиумом). Полученные результаты позволят разработать более эффективную стратегию борьбы с данными патогенами винограда.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-74-10001, <https://rscf.ru/project/22-74-10001>.

Список литературы

1. Aleynova O.A. et al. The endophytic microbiome of wild grapevines *Vitis amurensis* Rupr. and *Vitis coignetiae* pulliat growing in the Russian far east. *Plants*. 2023;12:2952. doi 10.3390/plants12162952
2. Soliman S.S.M. et al. Novel secreted peptides from *Rhizopus arrhizus* var. *delemar* With Immunomodulatory effects that enhance fungal pathogenesis. *Front Microbiol*. 2022;21(13):863133. doi 10.3389/fmicb.2022.863133

Сборка *de novo* транскриптомов органов иммунной системы рыб

Емельянов С.Р.^{1*}, Васина В.М.¹, Кутырев И.А.^{1,2}

¹ Восточно-Сибирский государственный университет технологий и управления, Улан-Удэ, Россия

² Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН, Улан-Удэ, Россия

* sem3lianoff@yandex.ru

Ключевые слова: байкальский омуль; секвенирование; иммунная система; транскриптом; биоинформатический анализ

Мотивация и цель: Иммунная система рыб играет ключевую роль в поддержании здоровья и устойчивости этих организмов к патогенным инфекциям и стрессовым факторам окружающей среды. Сборка *de novo* транскриптомов органов иммунной системы рыб предоставляет уникальную возможность для всестороннего изучения молекулярных компонентов, задействованных в иммунных реакциях, в первую очередь, головного отдела почки – органа, выполняющего функции как первичного, так и вторичного иммунного ответа.

Методы и алгоритмы: Первым этапом сборки *de novo* транскриптома использовали метод секвенирования нового поколения (NGS) головного отдела почек байкальского омуля. Методы NGS имеют большую производительность, позволяют выполнять одновременное считывание миллиардов коротких фрагментов нуклеиновых кислот. Кроме того, NGS дает возможность проводить секвенирование сразу нескольких десятков геномов за один запуск анализатора [1].

Результаты: С помощью программы FastQC [2] проведена оценка качества ридов, представленная в виде графиков. Анализ показал, что в результате секвенирования было прочитано 33 774 330 млн последовательностей.

Далее необходимо было отфильтровать нуклеотидные последовательности при помощи программы Trimmomatic. После фильтрации осталось 21 409 005 млн последовательностей, обладающих хорошими показателями качества, которые будут использованы для дальнейшей сборки *de novo* транскриптома и идентификации иммунокомпетентных генов и предсказания кодируемых ими белков.

Заключение: Белки, которые будут идентифицированы в органах иммунной системы байкальского омуля, обладающие иммуномодулирующими свойствами, станут перспективным сырьем для получения компонентов или продуктов функционального назначения.

Финансирование: Работа проведена в рамках темы госзадания № 121030900141-8.

Список литературы

1. <https://genomed.ru/journal/texnologii-vyipolneniya-issledovaniy/ngs>
2. https://mugenomicscore.missouri.edu/PDF/FastQC_Manual.pdf

Исследование влияния температурной адаптации на стрессовые реакции байкальского сига (*Coregonus baicalensis*) с использованием транскриптомного анализа

Епифанцев А.А.^{1*}, Вахтеева Е.А.¹, Королева А.Г.², Сидорова Т.В.², Потапов С.А.², Суханова Л.В.², Глызина О.Ю.², Черезова В.М.², Яхненко В.М.², Сапожникова Ю.П.²

¹ Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

² Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия

* epifantsevaalexander@yandex.ru

Ключевые слова: температурная адаптация; тепловой стресс; байкальский сиг; транскриптом

Мотивация и цель: Температура окружающей среды – потенциальный фактор стресса в аквакультуре [1]. Данная работа нацелена на исследование влияния тепловой адаптации эмбрионов и последующего острого теплового стресса на транскрипционные изменения у личинок байкальского сига, социально и экономически значимого вида.

Методы и алгоритмы: В условиях ПАК ЛИН СО РАН проводилась адаптация эмбрионов сига (нагрев на 6 °С каждые 3 дня относительно контроля 3 °С, с последующим снижением). Через 1 мес после вылупления личинки содержались либо при контрольной температуре (12 °С), либо подвергались острому стрессу (нагрев на 12 °С относительно контроля). После RNA-Seq DE (Illumina NovaSeq 6000) была проведена сборка транскриптов *de novo*, которые анализировались с помощью EdgeR v4.0.3, Bowtie2 v2.3.5.1 и Trinity v2.8.5 и аннотировались в UniProtKB/SwissProt. Обогащение исследовали с использованием GO и KEGG.

Результаты: Острый стресс вызвал повышение экспрессии генов HSP-30, HSP-40, HSP-47, HSP-70 и HSP-90 и TRIM16 вне зависимости от адаптации. Уровень экспрессии генов, отвечающих за реакцию на уровень кислорода, факторы роста и иммунный ответ, HBA, HBB, Myosin VI, Myosin VII, MHC, Plumieribetin, TnI, CYP450 и LDB3, был выше у особей, прошедших адаптацию. У неадаптированных рыб отмечалась повышенная активность генов, регулирующих метаболизм, MtCK, aFGF, ARF, CRYGB и D-DT.

Заключение: Температурная адаптация может повышать стрессоустойчивость молоди байкальского сига, вероятно, благодаря эффекту гормезиса. Выявленные гены наиболее перспективны для дальнейшего изучения теплового стресса, способствуя пониманию механизмов адаптации сиговых рыб к изменениям окружающей среды.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-24-00644.

Список литературы

1. Sapozhnikova Y.P. et al. Transcriptional rearrangements associated with thermal stress and preadaptation in Baikal whitefish (*Coregonus baicalensis*). *Animals*. 2024;14:3077

Создание конструкций для направленной вставки генетически кодируемых индикаторов мембранного потенциала Voltron и Positron в локус *Rosa26*

Кириллов О.*, Ахмаров И., Чиринскайте А., Сопова Ю., Леонова Е.
Центр трансгеноза и редактирования генома, ИТБМ, СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия
* o-kirillov03@mail.ru

Ключевые слова: генетически кодируемые индикаторы мембранного потенциала; направленная вставка; ROSA26; Voltron; Positron

Мотивация и цель: Генетически кодируемые индикаторы мембранного потенциала представляют собой группу гибридных белков, которые позволяют визуализировать электрическую активность нейронов в режиме реального времени. Гибридные индикаторы Voltron и Positron [1] состоят из двух компонентов: бактериального родопсина Ace2, который обеспечивает высокую чувствительность и быструю кинетику, и домена HaloTag, обеспечивающего высокую фотостабильность. Voltron негативно реагирует на потенциал действия (ПД), в то время как Positron дает позитивный ответ на него. Направленная интеграция трансгенов в локус *Rosa26* обеспечивает их стабильную экспрессию, а для обеспечения тканеспецифичности используется стоп-кассета, фланкированная сайтами *loxP*. Цель данной работы – дизайн и создание конструкций, несущих последовательности индикаторов Voltron и Positron для направленной вставки в локус *Rosa26* с возможностью тканеспецифичной экспрессии трансгена.

Методы и алгоритмы: Сборка последовательности индикатора Voltron проводилась *de novo* методом полимеразной цепной реакции. В связи с тем что аминокислотная последовательность индикатора Positron отличается от последовательности Voltron тремя аминокислотными заменами, нами были внесены четыре направленные нуклеотидные замены, в результате которых была получена последовательность второго индикатора.

Results: Нами собрана последовательность индикатора *Voltron*, после чего на базе этой последовательности была получена последовательность индикатора Positron. Далее полученные последовательности были переклонированы в вектор, несущий гомологичные плечи локуса *Rosa26*, между которыми находится неомицинавая стоп-кассета, фланкированная сайтами *loxP*.

Заключение: В результате получены две конструкции, способные обеспечить направленную вставку в локус *Rosa26* *M. musculus* с тканеспецифичной экспрессией за счет наличия в клетках Cre-рекомбиназы, что позволяет создать мышей, на основе которых можно оценивать электрическую активность клеток головного мозга в реальном времени.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке гранта СПбГУ ID 116959511.

Список литературы

1. Abdelfattah A.S., Valenti R., Zheng J. et al. A general approach to engineer positive-going eFRET voltage indicators. *Nature Communications*. 2020;11(1):3444

Влияние полиморфизма в гене BMP-15 на структуру и свойства белка

Климанова Е.А.

Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

kateri2403@mail.ru

Ключевые слова: snp; rs425019156; вторичная структура белка; овцы; сельскохозяйственные животные

Мотивация и цель: Ген BMP-15 у овец локализован на X хромосоме и относится к суперсемейству трансформирующего фактора роста бета. BMP-15 участвует в регулировании роста фолликулов, взаимодействуя с другим белком – фактором роста дифференцировки 9. Взаимодействие этих двух белков важно для нормального развития фолликулов и овуляции как у людей, так и сельскохозяйственных животных, в том числе овец [1]. Цель данной работы – проведение анализа влияния rs425019156 на биологическую функцию белкового продукта гена BMP-15.

Методы и алгоритмы: Данные о полиморфизме и гене взяты из базы данных Ensembl. Информация о вторичной структуре белка получена с помощью программы GOR4. Вычисление физико-химических параметров белка проводилось с помощью программы ProtParam.

Результаты: В базе данных Ensembl имеется информация о более чем 100 полиморфизмах в гене BMP-15 у овец. Полиморфизм rs425019156 локализован в экзоне, связан с заменой цитозина на тимин в положении 745 и формированием преждевременного стоп-кодона. В результате анализа с применением базы данных GOR IV определено, что полиморфизм влияет на вторичную структуру белка и приводит к изменению числа альфа-спиралей (на 7.34 % больше у мутантного варианта). С помощью программы ProtParam показано, что при нуклеотидной замене уменьшается молекулярная масса белка. Индекс нестабильности белка, характеризующий его нестабильность *in vitro*, уменьшается, что приводит к увеличению термостабильности белка и изменению его гидрофобности. Алифатический индекс значительно увеличивается, меняя электростатические свойства белка.

Заключение: Полученные данные позволили установить, что мутантный аллель гена BMP-15 ведет к конформационным и физико-химическим изменениям белка.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда, проект № 24-26-00136.

Список литературы

1. Климанова Е.А., Коновалова Т.В. Полиморфизм локуса BMP-15 у овец романовской породы в условиях Западной Сибири. *Вестник НГАУ*. 2023;2(67):197-204. doi 10.31677/2072-6724-2023-67-2-197-204

Представленность генов метаболических путей трансформации органического вещества в черноземе выщелоченном Приобья

Коваленко А.В.^{1*}, Маркелова М.И.¹, Данилова А.А.²

¹ Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия

² Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий РАН, Краснообск, Россия

* annashobot@gmail.com

Ключевые слова: метаболические пути; агротехнологии; представленность генов; органический углерод

Мотивация и цель: Снижение интенсивности воздействия вспашки на почву признается одним из путей снижения эмиссии CO₂ из агропочв. В настоящее время в целом известны параметры изменения метаболизма органических веществ (ОВ) в почве при переходе от целины к пашне и от отвальной вспашки к поверхностной обработке. Для углубления знаний по проблеме необходимы исследования на основе современных молекулярных методик. Была поставлена цель изучить представленность генов (ПГ) некоторых метаболических путей трансформации ОВ в черноземе выщелоченном Приобья в ряду агрофонов: длительный бессменный пар – вспашка – поверхностная обработка.

Методы и алгоритмы: Почва отобрана в августе 2023 г. на многолетнем стационарном опыте СФНЦА РАН в окрестностях г. Новосибирска. Варианты опыта: длительный бессменный пар, отвальная вспашка, поверхностная обработка. На каждом варианте образцы отобрали в трех независимых точках по слоям 0–10 и 10–20 см. Всего исследовано 18 образцов. Из образцов почвы была выделена тотальная ДНК с последующим секвенированием на NextSeq500. Прочтения были картированы на базу данных метагеномного конвейера bioBakery HUMAnN3 с последующей статистической обработкой в DESeq2.

Результаты: Представленность генов, участвующих в метаболизме стабильных соединений углерода в почве (*ChiC*), не зависела от варианта опыта. Различия обнаружены в ПГ деградации лабильного ОВ. В почве под растениями в сравнении с паром была достоверно повышена ПГ фермента альфа-амилазы *treS*. В сравнении с паром на фоне вспашки отмечено повышение ПГ арабинозидазы *abfA*, на фоне поверхностной обработки – бета-глюкозидазы *bglB*. Наиболее существенное различие между парующим и культивируемым вариантами почвы заключалось в преобладании в последних генов субъединиц рибулозобисфосфат карбоксилазы *rbcL*, вовлеченной в процесс фиксации атмосферного углерода, что очевидно связано с развитием альгофлоры.

Заключение: Отсутствие различий в ПГ метаболизма устойчивых фракций ОВ в ряду вариантов свидетельствует, что изученные способы воздействия на почву слабо влияли на гумифицированную часть ОВ почвы. Динамика ПГ деградации лабильного ОВ в изученном ряду вариантов еще раз свидетельствует о значимости поступающего в почву растительного опада в метаболизме вещества и энергии в экосистеме.

Уровень метилирования ретротранспозона LINE-1 коррелирует в ворсинах хориона спонтанных абортусов из одних и тех же семейств

Лушников И.В.^{1,2*}, Деменева В.В.¹, Васильев С.А.^{1,2}

¹ Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук, Томск, Россия

² Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия

* ladrek13@mail.ru

Ключевые слова: LINE-1 retrotransposon; DNA methylation; pregnancy loss

Мотивация и цель: Известно, что значительную роль в успешном развитии эмбриона играет развитие плаценты, которое обусловлено в том числе эпигенетической регуляцией активности генов [1]. Одним из сигналов о нарушениях эпигенетической регуляции может быть высокий уровень метилирования мобильного элемента LINE-1, занимающего около 20 % генома [2]. Остается неясным, является ли такой повышенный уровень метилирования спонтанно возникшим нарушением у отдельных эмбрионов или его причины связаны с действием родительских факторов. В данной работе проанализирована корреляция уровней метилирования ретротранспозона LINE-1 в ворсинах хориона пар спонтанных абортусов из одних и тех же семей.

Методы и алгоритмы: Для 21 пары спонтанных абортусов I триместра беременности из одних и тех же семей было проведено кариотипирование, анализ родства и анализ уровня метилирования ДНК в ворсинах хориона с помощью таргетного бисульфитного массового параллельного секвенирования.

Результаты: Уровень метилирования LINE-1 значимо коррелировал у спонтанных абортусов из одних и тех же семей ($R = 0.71$, $p = 0.0003$). Для пар спонтанных абортусов с нормальным кариотипом ($n = 10$) корреляция оставалась значимой ($R = 0.74$, $p = 0.015$), тогда как для пар спонтанных абортусов, в которых один из абортусов имеет анеуплоидию ($n = 8$), корреляция становилась статистически незначимой ($R = 0.64$, $p = 0.08$). Корреляция оставалась значимой и для всех возможных перестановок между первым и вторым спонтанным абортусами в семье ($R = 0.66 \pm 0.04$, $p = 0.001 \pm 0.0011$).

Заключение: Обнаруженная корреляция между уровнями метилирования ретротранспозона LINE-1 в ворсинах хориона спонтанных абортусов из одних и тех же семей может быть косвенным свидетельством влияния как минимум одного из родителей или иных факторов, действующих во время беременности.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-15-00341.

Список литературы

1. Shridhar V. et al. High-resolution analysis of the human placental DNA methylome in early gestation. *Prenat Diagn.* 2020;40(4):481-491. doi 10.1002/pd.5618
2. Vasilyev S.A. et al. LINE-1 retrotransposon methylation in chorionic villi of first trimester miscarriages with aneuploidy. *J Assist Reprod Genet.* 2021;38(1):139-149. doi 10.1007/s10815-020-02003-1

Анализ плоидности партеногенетических и половых популяций рода *Artemia* на основе частот гетерозиготных к-меров по данным wgs секвенирования

Мегер Я.В.* , Лантушенко А.О., Евстигнеев М.П.

Севастопольский государственный университет, Севастополь, Россия

* yvmeger@sevsu.ru

Ключевые слова: *Artemia*; анализ плоидности; партеногенез

Мотивация и цель: Представители рода *Artemia* интересны как модельные организмы для изучения процессов адаптации к высокой солености и температуре среды обитания, а также как широко используемые в биотехнологических производствах. Одним из малоизученных вопросов для этого рода является их система размножения: встречаются как популяции двуполых, с примерно равным соотношением полов, но и партеногенетические популяции, где большинство особей женского пола. В таких популяциях редкие самцы способны спариваться с самками двуполых популяций. В результате этого образующиеся потомки представляют собой партеногенетическую популяцию, генетически изолированную от материнской. Данный механизм назван «заразным партеногенезом» и его принцип работы, как и обуславливающий его генетический материал, пока малоизучен [1]. При акте «передачи» партеногенеза зачастую образуются полиплоидные популяции, из-за чего данный признак можно использовать как маркер этого события. Применена методика определения плоидности по частотам встречаемости пропорций нуклеотидов в гетерозиготных сайтах для доступного в базе NCBI набора полногеномных данных рода *Artemia*.

Методы и алгоритмы: Для анализа использовали типичные данные wgs PE150, доступные в базе SRA NCBI и результаты собственного секвенирования геномов представителей рода *Artemia* локальных крымских популяций. Для создания базы к-меров по прочтениям использовали алгоритм FastK [2], выделение гетерозиготных пар проводили в PloidyPlot, анализ частот пропорций и визуализация – в Smudgeplot [3].

Результаты: Так как при анализе осуществляется отделение ядерных прочтений от ошибочных и митохондриальных по их частоте встречаемости, вполне ожидаемо разрешающая способность метода напрямую зависит от величины и равномерности покрытия секвенируемого генома. Статистически был определен нижний предел, после которого данных для анализа недостаточно. На основании проведенного исследования выявлены диплоидные и полиплоидные особи, полученные результаты сопоставлены с морфологическими данными.

Заключение: Примененная методика позволила для представителей рода *Artemia* оценить плоидность по данным полногеномного секвенирования. Результаты планируется использовать после их выборочной валидации с помощью кариотипирования в качестве фенотипических данных для GWAS с целью поиска участков, ассоциированных с передачей партеногенеза, что в последующих исследованиях может помочь в определении механизма передачи и границ такой передачи в природе.

Финансирование: Работа выполнена в рамках госзадания «Фотобиофизический мониторинг окружающей среды на основе спектрально-флуоресцентных свойств структурно-организованных молекулярных (включая наночастицы) и супрамолекулярных биологически важных систем», № FEFM-2023-0005.

Ploidy analysis of parthenogenetic and sexual populations of the genus *Artemia* based on frequencies of heterozygous k-mer from wgs sequencing data

Meger Ya.V.*, Lantushenko A.O., Evstigneev M.P.

Sevastopol State University, Sevastopol, Russia

* yvmeger@sevsu.ru

Key words: *Artemia*; ploidy analysis; parthenogenesis

Motivation and Aim: The genus *Artemia* are of current interest as model organisms for studying the processes of adaptation to high salinity and temperature of the habitat, and are widely used in biotechnological production. One of the unresolved questions concerning this genus is their reproduction system – there are both biparental populations with approximately equal sex ratio, and parthenogenetic populations, where the vast majority of individuals are female. In such populations, rare males are able to mate with females of sexual populations. As a consequence, the resulting offspring are a parthenogenetic population, genetically isolated from the parent population. This mechanism is called “contagious parthenogenesis” and its working principle as well as the genetic material that causes it are currently poorly understood [1]. During the act of “transmission” of parthenogenesis, polyploidy populations are often formed, so this trait can be used as a marker of this event. On this basis, in order to utilize the maximum available dataset, we applied the method of ploidy determination by frequencies of occurrence nucleotide proportions in heterozygous sites.

Methods and Algorithms: Typical wgs PE150 data available in the NCBI SRA database and the results of our own sequencing of local Crimean populations were used for analysis. Creation of a k-mer database of reads were analyzed using FastK [2], isolation of heterozygous pairs was performed in PloidyPlot, frequency analysis of proportions and visualization was performed in Smudgeplot [3].

Results: Considering that the analysis relies on the separation of nuclear reads from erroneous and mitochondrial reads based on their frequency of occurrence, quite expectedly, the resolution of the method directly depends on the depth and uniformity of coverage of the sequenced genome. The lower limit beyond which there is insufficient data for analysis was statistically determined. Based on the conducted genetic research, diploid and polyploid individuals were identified, the results obtained were compared with morphological data.

Conclusion: The methodology applied allowed for individuals of the genus *Artemia* to calculate ploidy according to genome-wide sequencing data. The results obtained will be further used after their selective validation using karyotyping as phenotypic data for GWAS in order to search for sites associated with parthenogenesis transmission. In subsequent studies it may help in determining the mechanism and boundaries of such transmission in nature.

Funding: This work was supported by project No. FEFM-2023-0005.

Список литературы/References

1. Elkrewi M. et al. ZW sex-chromosome evolution and contagious parthenogenesis in *Artemia* brine shrimp. *Genetics*. 2022;222(2):123
2. Newling J., Fleuret F. Fast k-means with accurate bounds. In: Proceedings of the 33rd International Conference on International Conference on Machine Learning. 2016;48:936-944
3. Ranallo-Benavidez T.R., Jaron K.S., Schatz M.C. GenomeScope 2.0 and Smudgeplot for reference-free profiling of polyploid genomes. *Nature Communications*. 2020;11(1):1432

Транскриптомный анализ растений *Arabidopsis thaliana* после обработки стильбенами, кумаровой и салициловой кислотой

Нитяговский Н.Н.*, Алейнова О.А., Трубечкая Е.В., Киселёв К.В.
Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии, ДВО РАН,
Владивосток, Россия
* niknit1996@gmail.com

Ключевые слова: стильбены; *m*-резвератрол; *m*-пицеид; транскриптом

Мотивация и цель: Стильбены представляют собой группу растительных вторичных метаболитов фенольной природы, наиболее известным членом которой считается *m*-резвератрол. Богатым источником стильбенов является ель аянская. Стильбены имеют большой потенциал для использования в сельском хозяйстве, поскольку обладают значительной активностью против фитопатогенов. Кроме того, стильбены способствуют устойчивости растений к абиотическим стрессам, таким как жара и ультрафиолетовое излучение. Однако неизвестно, какие генетические механизмы у растений активирует обработка стильбенами. Поэтому цель данной работы – анализ генов ответа на гормоны, транскрипция которых изменилась после обработки стильбенами, у модельного растения *Arabidopsis thaliana*.

Методы и алгоритмы: Одномесячные растения *A. thaliana* были обработаны ДМСО (контроль) и 5 мМ растворами стильбенов (*m*-резвератрол, *m*-пицеид), предшественником стильбенов (*p*-кумаровая кислота), экстрактом коры ели и салициловой кислотой, растворенными в ДМСО. Через 24 ч из растений была выделена РНК, получена кДНК и отправлена на NGS по технологии Illumina в компанию Геноаналитика. Полученные прочтения были выровнены на геном *A. thaliana* (TAIR10.1) с помощью STAR. Данные о дифференциально экспрессируемых генах были получены с помощью DESeq2.

Результаты: После обработки *m*-резвератролом по сравнению с контролем у растений изменился уровень транскрипции 79 генов, *m*-пицеидом – 201, кумаровой кислотой – 900, экстрактом ели – 2933, салициловой кислотой – 8205. Среди генов ответа на гормоны наибольшее число изменившихся генов приходилось на гены ответа на абсцизовую, жасмоновую и салициловую кислоты и ауксин. Обработка *m*-резвератролом и *m*-пицеидом привела к изменению уровня транскрипции суммарно у 15 и 32 генов упомянутых выше категорий, *p*-кумаровой кислотой – 108, экстрактом ели – 183 и салициловой кислотой – 404.

Заключение: Таким образом, стильбены специфически действуют на экспрессию ряда важных регуляторных и структурных генов, хотя их действие слабее, чем влияние салициловой кислоты.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда, грант № 22-16-00078.

Протеомное профилирование эндотелиального секретома после воздействия кальципротеиновых частиц выявляет снижение экспрессии компонентов внеклеточного матрикса

Ощепкова К.И.*, Степанов А.Д., Шишкова Д.К., Маркова В.Е.

Научно-исследовательский институт комплексных проблем сердечно-сосудистых заболеваний, Кемерово, Россия

* karina_oshche@mail.ru

Ключевые слова: эндотелиальные клетки; дисфункция эндотелия; эндотелиальный секретом; кальциевый стресс; кальципротеиновые частицы; базальная мембрана; протеомное профилирование; биоинформатический анализ

Мотивация и цель: Кальципротеиновые частицы (КПЧ) представляют собой циркулирующие в крови комплексы белков, кальция и фосфора, выполняющие функцию по защите организма от внескелетной кальцификации. После интернализации КПЧ эндотелиальными клетками происходит изменение их секретомы, молекулярные и патофизиологические последствия чего требуют детального и объективного изучения. Целью данного исследования было проведение протеомного профилирования секретомы эндотелиальных клеток коронарной артерии (КА) и внутренней грудной артерии (ВГА) после их инкубации с КПЧ (25 мкг кальция на 1 мл культуральной среды).

Методы и алгоритмы: Протеомное профилирование культуральной среды выполнено с помощью жидкостной хроматографии, совмещенной с тандемной масс-спектрометрией с ионной подвижностью. Для анализа был использован язык программирования R (версии 4.3.2) с помощью пакетов "impute", "limma", "MixOmics", "ggplot2", "EnhancedVolcano".

Результаты: Анализ дифференциально экспрессированных биоинформатических категорий и исследование белок-белковых взаимодействий показали снижение экспрессии белков, ассоциированных с внеклеточным матриксом и базальной мембраной в эндотелиальных клетках КА и ВГА. Иммуноферментный анализ подтвердил снижение концентрации остеоонектина (SPARC), перлекана (HSPG2) и фибронектина (FN1) в секретоме эндотелиальных клеток.

Заключение и доступность: Кальциевый стресс, возникающий в эндотелиальных клетках КА и ВГА после интернализации КПЧ, приводит к развитию дисфункции эндотелия, что проявляется снижением выделения компонентов внеклеточного матрикса, в частности базальной мембраны. Воспроизводимый код для анализа данных доступен по адресу <https://github.com/Zoiret/Proteomic-profiling-of-HCAEC-and-HITAEC-secretome-after-exposure-to-calciprotein-particles>.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-65-00039 «Идентификация циркулирующего маркера провоспалительной дисфункции эндотелия в контексте гетерогенности эндотелиальных клеток», <https://rscf.ru/project/24-65-00039/>.

Таргетированная транскриптомика NanoString и scRNA-seq раскрывает иммунорегуляторный потенциал эритроидных клеток плаценты человека и мыши

Перик-Заводская О.Ю.*, Перик-Заводский Р.Ю., Назаров К.В., Алрхмун С., Шевченко Ю.А., Сенников С.В.

Научно-исследовательский институт фундаментальной и клинической иммунологии, Новосибирск, Россия

* perik.zavodskaja@gmail.com

Ключевые слова: плацента; эритроидные клетки; транскриптомика; scRNA-seq; NanoString

Мотивация и цель: Плацента как важный мультифункциональный орган обеспечивает кровоснабжение плода и участвует в обеспечении иммунологической толерантности между плодом и матерью, будучи одновременно физическим барьером, местом локализации толерогенных клеток и источником иммуносупрессивных цитокинов и иных молекул [1], в связи с чем изучение иммуносупрессивных популяций плаценты является важной частью понимания плодоматеринской толерантности.

Методы и алгоритмы: Мы провели иммунотранскриптомное исследование магнитно-отсортированных эритроидных клеток пуповинной крови человека (позитивная сортировка по CD235a) и плаценты мыши (позитивная сортировка по Ter-119) методами секвенирования РНК единичных клеток на платформе BD Rhapsody и профилирования тотальной РНК на платформе NanoString соответственно. Анализ данных секвенирования РНК единичных клеток проводили при помощи библиотеки Seurat V5 языка программирования R, анализ данных NanoString проводили при помощи ПО nSolver 4.0 и библиотеки bioinfokit языка программирования Python 3.

Результаты: В эритроидных клетках плаценты человека и мыши была обнаружена экспрессия большого количества иммунорегуляторных генов, а именно: *ARG1*, *CXCL5*, *DEFA3*, *VEGFA* (человек); *Tgfb1*, *Tgfb3*, *Cxcl1*, *Cxcl12*, *Ccl2*, *Ccl3*, *Ccl9*, *Mif*, *Il1a*, *Il1b*, *S100a8*, *S100a9*, *Cd274*, гены презентации антигена в комплексе с МНС класса II (мышь).

Заключение: Эритроидные клетки плаценты мыши и человека экспрессируют широкий спектр генов, связанных с иммунорегуляцией, что позволяет предположить высокий иммунорегуляторный потенциал для таких клеток.

Финансирование: Исследование финансировалось Министерством науки и высшего образования Российской Федерации, государственное задание № 0415-2024-0012.

Список литературы

1. Mor G., Aldo P., Alvero A.B. The unique immunological and microbial aspects of pregnancy. *Nature Reviews Immunology*. 2017;17(8):469-482. doi 10.1038/nri.2017.64

Влияние агроприемов на генетический потенциал микробиоты почв Приобья, связанный с метаболизмом азота

Пономарева Е.^{1*}, Маркелова М.¹, Данилова А.²

¹ Казанский федеральный университет, КФУ, Казань, Россия

² Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий РАН, Краснообск, Россия

* elizavettunina@mail.ru

Ключевые слова: агротехнологии; микробиом почв; функциональный потенциал; метаболизм азота; представленность генов

Мотивация и цель: Недостаток азота относится к основным ограничивающим факторам в современном аграрном производстве. Особенности метаболизма элемента в почве имеют решающее значение в обеспечении продукционного процесса культур и стабильности функционирования экосистемы. Замена вспашки поверхностной обработкой, в частности, преследует цель ограничения избыточного образования минерального азота, что предотвращает загрязнение объектов окружающей среды. Изучение генетических механизмов метаболизма азота в почве в настоящее время находится в начальной стадии. Почвы Сибири в этом направлении практически не изучены. Поэтому целью нашей работы стало изучение представленности генов (ПГ) метаболизма азота в почвах Приобья в зависимости от способа механического воздействия на почву.

Методы и алгоритмы: Почва отобрана в августе 2023 г. на многолетнем опыте СФНЦА РАН в окрестностях г. Новосибирска. Варианты опыта – длительный бессменный пар, отвальная вспашка, поверхностная обработка. В опыте выращивали пшеницу при полном минеральном удобрении и защите растений. На каждом варианте образцы отобрали на трех независимых точках по слоям 0–10 и 10–20 см. Из почвы была выделена тотальная ДНК, библиотеки секвенированы на платформе Illumina NextSeq 500. Прочтения были картированы на базу данных метагеномного конвейера bioBakery: HUMAnN3. Статистический анализ проведен с помощью пакета DESeq2.

Результаты: Не отмечено достоверных отличий между вариантами опыта по ПГ метаболических путей азотфиксации. Обнаружено снижение ПГ нитрификации pmoC - amoC в почвах после отвальной и поверхностной обработки по сравнению с почвой пара. Представленность генов нитратредуктаз narA и narX , а также редуктазы N_2O nosZ была повышена в образцах почвы, подвергавшейся отвальной и поверхностной обработке в сравнении с почвой пара. Также выявлено снижение ПГ нитратредуктазы narG в почвах после отвальной вспашки и увеличение нитритредуктазы nitK в почвах после поверхностной обработки по сравнению с почвой пара. Кроме того, общая ПГ денитрификации была достоверно повышена в образцах почв, подвергавшихся обработке в сравнении с почвой пара.

Заключение: Снижение интенсивности нитрификации и тенденция к повышению денитрификации при прекращении отвальной вспашки – известные в земледелии закономерности. В работе получены данные для их обоснования с точки зрения генетического потенциала микробиоты почвы.

Стратегия изучения источников устойчивости картофеля к бактериальным заболеваниям из коллекции ВИР

Родионов К.^{1,2*}, Ситников М.^{1,2}

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

² Якутский научно-исследовательский институт сельского хозяйства им. М.Г. Сафронова – обособленное подразделение ФИЦ «Якутский научный центр СО РАН», Якутск, Россия

* k.rodionov@vir.nw.ru

Ключевые слова: картофель; бактериозы; черная ножка; кольцевая гниль

Мотивация и цель: Картофель относится к числу важнейших сельскохозяйственных культур разностороннего использования и обладает наибольшей питательной ценностью среди растений семейства пасленовых. В то же время основным фактором, ограничивающим производство картофеля, является распространение бактериальных патогенов, которые приводят к значительным экономическим потерям на протяжении всего периода вегетации и хранения после сбора урожая [1]. В последние годы в Российской Федерации отмечают значительное усиление вредоносности бактериозов, особенно это наблюдается в Восточно-Сибирском регионе [2]. Цель данной работы – мониторинг коллекции картофеля ВИР им. Н.И. Вавилова на наличие возбудителей черной ножки и кольцевой гнили клубней.

Методы и алгоритмы: Объектами исследования были коллекция картофеля ВИР, которая насчитывает более 8000 образцов, и коллекции картофеля Якутского НИИСХ. Выполнен скрининг коллекции картофеля на устойчивость к черной ножке и кольцевой гнили в естественном инфекционном фоне. Для диагностики патогенов использовали молекулярно-генетические методы.

Результаты: Проведен мониторинг клоновой коллекции картофеля ВИР. Признаки предполагаемых заболеваний были определены в результате визуальной оценки на клубнях 50 образцов, включающих селекционные сорта и межвидовые гибриды.

Заключение: Впервые охарактеризованы образцы картофеля из коллекции ВИР на устойчивость к бактериальным инфекциям. Проводится эколого-географическое изучение выявленных устойчивых сортов в условиях Якутии и Ленинградской области.

Финансирование: Работа выполнена в рамках государственного задания «Комплексные исследования по определению факторов и механизмов устойчивости растений в условиях Якутии, пополнение коллекции генетических ресурсов растений в криолитозоне» (FWRS-2024-0084).

Список литературы

1. Vasilyeva A.A., Evseev P.V., Ignatov A.N., Dzhililov F.S. *Pectobacterium punjabense* causing blackleg and soft rot of potato: the first report in the Russian Federation. *Plants (Basel)*. 2024;13(15):2144. doi 10.3390/plants13152144
2. Охлопкова П.П., Яковлева Н.С., Протопопова А.В. Фитосанитарный мониторинг посадок картофеля в условиях Центральной Якутии. *Научная жизнь*. 2020;15(12):1606-1612. doi 10.35679/1991-9476-2020-15-12-1606-1612

Протеомное профилирование эндотелиального секретома после воздействия кальципротеиновых частиц выявляет повышенную секрецию маркеров эндотелиального шеддома

Степанов А.Д.*, Шишкова Д.К., Маркова В.Е.

Научно-исследовательский институт комплексных проблем сердечно-сосудистых заболеваний, Кемерово, Россия

* stepad@kemcardio.ru

Ключевые слова: эндотелиальные клетки; дисфункция эндотелия; эндотелиальный секретом; кальциевый стресс; кальципротеиновые частицы; протеомное профилирование; биоинформатический анализ; эндотелиальный шеддом; CD59; CD146; CD105

Мотивация и цель: Кальципротеиновые частицы (КПЧ) представляют собой циркулирующие в крови комплексы белков и фосфата кальция, которые защищают организм от внескелетной кальцификации. Эндоцитоз КПЧ эндотелиоцитами приводит к развитию провоспалительной дисфункции эндотелия и гибели некоторых клеток, что обуславливает секрецию соответствующих маркеров. Цель нашего исследования – анализ протеомного профилирования секретотома эндотелиальных клеток, инкубированных с КПЧ.

Методы и алгоритмы: Протеомное профилирование культуральной среды выполнено при помощи УВЭЖХ-МС/МС. Полученные данные были обработаны с применением языка программирования R и пакетов "limma" и "impute".

Результаты: Анализ дифференциально экспрессированных белков секретотома выявил повышенную экспрессию одного из основных белков защиты от комплемента (CD59) в секретоме инкубированных с КПЧ эндотелиоцитов (средняя логарифмическая кратность изменения 2.5). При мануальном анализе белков со средней логарифмической кратностью изменения менее 1.0 была обнаружена тенденция к стабильному повышению экспрессии других маркеров эндотелиального шеддома: CD55, CD105, CD146, CD147, CD202b, CD309, EFNB1/2, EPHB2/4. В контексте патологического воздействия КПЧ этот феномен свидетельствует о гибели части эндотелиальных клеток.

Заключение и доступность: Кальциевый стресс, возникающий в эндотелиальных клетках КА и ВГА после интернализации КПЧ, приводит к развитию дисфункции эндотелия и гибели части клеток, что проявляется повышенной экспрессией маркеров эндотелиального шеддома. Вышеуказанные 11 маркеров следует рассматривать как вероятные циркулирующие маркеры провоспалительной дисфункции эндотелия, что требует дальнейшей проверки в различных патофизиологических и клинических сценариях *in vivo*. Воспроизводимый код для анализа данных доступен по адресу <https://github.com/Zoiret/Proteomic-profiling-of-HCAEC-and-HITAEC-secretome-after-exposure-to-calciprotein-particles>.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-65-00039 «Идентификация циркулирующего маркера провоспалительной дисфункции эндотелия в контексте гетерогенности эндотелиальных клеток», <https://rscf.ru/project/24-65-00039/>.

Поиск стильбен-содержащих эндофитов винограда *Vitis amurensis*

Супрун А.Р.*, Ананьев А.А., Киселёв К.В., Алейнова О.А.

Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии, ДВО РАН,
Владивосток, Россия

* Suprun@biosoil.ru

Ключевые слова: виноград; *Vitis*; ВЭЖХ; стильбены; резвератрол

Мотивация и цель: Эндофиты – микроорганизмы, чаще всего грибы или бактерии, которые в норме обитают внутри тканей растений. Некоторые эндофиты способны продуцировать соединения, аналогичные тем, которые присутствуют в растении-хозяине, в результате чего они могут быть важным источником для производства различных биологически активных веществ (БАВ). Известно, что в винограде содержатся ценные для здоровья человека БАВ – стильбены, самое известное из которых *t*-резвератрол. Дикорастущий виноград *Vitis amurensis* Rupr. является одним из растений-лидеров по содержанию стильбенов. Цель работы – поиск стильбен-синтезирующих эндофитных бактерий и грибов винограда *V. amurensis*.
Методы и алгоритмы: Листья винограда *V. amurensis* были собраны в Приморском крае. Из образцов выполнен микробиологический высеv бактерий и грибов. Для анализа штаммов грибов и бактерий была использована аналитическая система ВЭЖХ-МС 1260 Infinity LC (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA) сопряженная с масс-спектрометром (Bruker HCT ultra PTM Discovery System, Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Germany).

Результаты: ВЭЖХ анализ показал наличие стильбенов в бактериях рода *Gordonia* (*t*-резвератрол 0.09 мкг/мл), грибах рода *Biscognioaexia* (*t*-резвератрол 0.2 мкг/мл), *Didymella* (*t*-резвератрол 0.45 мкг/мл), *Alternaria* (*t*-резвератрол 0.55 мкг/мл). Далее была проведена оптимизации питательных сред для увеличения биосинтеза стильбенов в перечисленных выше эндофитных микроорганизмах. Изначально все эндофиты культивировались в среде PDA, затем переносились в более бедную среду RCC, которая подвергалась различным модификациям: pH среды варьировался от 5.8 до 7.6, в среду добавляли различные сахара (глюкоза, декстроза), а также предшественники *t*-резвератрола (кумаровая кислота). К сожалению, все вышеописанные модификации не увеличили биосинтез резвератрола. Более того, синтеза стильбенов значительно упали либо исчезли в процессе культивирования. Мы связываем данный эффект с длительным культивированием в условиях *in vitro*, вероятно, эндофитные микроорганизмы в отрыве от растения-хозяина перестают синтезировать стильбены.

Заключение: Осуществлен поиск стильбен-содержащих эндофитов винограда *V. amurensis*. Показано, что в отрыве от растения-хозяина биосинтез стильбенов в эндофитах значительно уменьшается, что говорит о необходимости совершенствования условий культивирования для промышленного производства стильбенов.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-74-10001, <https://rscf.ru/project/22-74-10001>.

Изучение влияния нокаута генов *GAUT1* и *GAUT7* на агрегативность клеток в суспензионной культуре *Arabidopsis thaliana*

Франкевич Т.А.*, Пермякова Н.В., Сидорчук Ю.В., Дейнеко Е.В.

Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук,
Новосибирск, Россия

*.frankevichta@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: *Arabidopsis thaliana*; культура клеток; агрегативность; геномное редактирование; галактуронилтрансфераза; GAUT

Цель: Межклеточная адгезия, характерная для растений, может быть основной причиной агрегативности клеток в суспензии. На сегодняшний день существует ряд методов снижения размеров агрегатов в растительных клеточных суспензиях, но ни один из них не считается оптимальным и универсальным, поэтому поиск новых способов снижения агрегативности является актуальной задачей. Известно, что большую роль в поддержании контактов между клетками играют пектины клеточных стенок. За полимеризацию одного из важнейших пектинов клеточной стенки – гомогалактуронана – у *Arabidopsis thaliana* отвечает ферментативный комплекс GAUT1:GAUT7. Получение мутантных линий клеток с нокаутом двух генов, отвечающих за синтез этих ферментов, *GAUT1* и *GAUT7*, позволит исследовать влияние этих ферментов на агрегативность клеток в суспензионной культуре. Используя в качестве исходных растений трансгенные растения-продуценты белка GFP, мы сможем исследовать влияние нокаута этих генов на уровень продукции рекомбинантного белка.

Методы: Для редактирования с использованием системы CRISPR/Cas9 нами были созданы две мультиплексные генетические конструкции на основе плазмиды pDGE347, несущие по две направляющие РНК, для получения делеции в целевых генах. Выполнена агробактериальная трансформация методом «погружения цветков», после чего были отобраны растения, несущие делеции. Из мутантных растений были получены каллусные и суспензионные культуры, с которыми проведен анализ агрегативности и уровня накопления белка GFP.

Результаты: Результаты сравнительного анализа показали, что, несмотря на отсутствие изменений в скорости прироста биомассы, наблюдаются значительные различия между мутантными и контрольной линиями: у линий с нокаутом *GAUT1* и *GAUT7* увеличена агрегативность на 21 и 18 % соответственно. Вследствие этого количество рекомбинантного белка снижено до 5.7 и 5.6 % соответственно по сравнению с 16 % у контрольной линии.

Заключение: Полученные нами результаты показывают, что, несмотря на кажущуюся привлекательность, гены биосинтеза пектина, очевидно, являются плохой мишенью для нокаута, в том случае если цель – снижение агрегативности клеток в культуре. В то же время наша работа демонстрирует, что, безусловно, повлиять на агрегативность клеток в культуре при помощи редактирования возможно.

Финансирование: Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, грант № FWNR-2022-0022.

Анализ коллекционного материала свёклы *Beta vulgaris* L. с использованием SSR маркеров

Хахимов М.Б.^{1,2*}, Смирнова О.Г.^{1,3}, Салина Е.А.³

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Курчатowskiй геномный центр ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

* m.xakimov@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: сахарная свёкла; SSR маркеры; генотипирование

Мотивация и цель: Свёкла обыкновенная (*Beta vulgaris* L.) – важная сельскохозяйственная культура, используемая в качестве сырья для масштабного производства сахара, а также для кормов и продуктов питания. Создание ресурса, содержащего информацию по фенотипу и генотипу образцов свёклы, имеет важное значение для выбора исходного материала для скрещиваний и дальнейшего селекционного процесса, направленного для получения заданных целевых показателей. Целью работы было генотипирование коллекции сортообразцов сахарной свёклы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров. В анализ были включены 96 образцов сахарной, кормовой и столовой свёклы из коллекции ВИР, различающиеся по 9 группам признаков.

Методы и алгоритмы: ДНК выделяли с использованием метода СТАВ. ПЦР проводили на аппарате BioRad T100 согласно протоколу. В исследовании было использовано 10 SSR маркеров. Фрагментарный анализ проведен на аппарате Нанофор-05. Для визуализации результатов использовали Peak Scanner Software v1.0. Филогенетическое древо построено программами Phylip и Ugene.

Результаты: Исползованные SSR маркеры различались по числу выявляемых аллелей в изучаемой коллекции свёклы. Максимальное число аллелей (12) было обнаружено у сортообразцов свёклы при использовании маркеров Unigene11965 и 15403, а минимальное число (4) – при использовании маркера Unigene10114. Суммарно для построения филогенетического древа было привлечено 72 аллеля, выявленных при SSR анализе с 10 маркерами. Согласно построенному филогенетическому древу сортообразцы свёклы входят в состав девяти ветвей и пятнадцати групп. Единственный в изучаемой коллекции образец из Китая (в каталоге ВИР № 1487) с оригинальной окраской листовых пластинок кластеризуется отдельно от остальных образцов. Две ветви (№ 2 и 3) из девяти образованы преимущественно из образцов столовой свёклы, а ветвь № 5 – образцами сахарной свёклы. Остальные ветви представлены сортами из разных разновидностей. Формирование филогенетических групп по генетическим признакам не выявлено, за исключением ветви № 5, которая преимущественно представлена раздельноплодными сортами сахарной свёклы.

Заключение: Используемый набор SSR маркеров позволяет эффективно паспортизовать сорта свёклы. Также не исключается возможность их применения для идентификации односемянных (раздельноплодных) образцов сахарной свёклы, что имеет важное значение при создании гибридов.

Финансирование: Исследование поддержано Курчатowskiм геномным центром Института цитологии и генетики СО РАН, соглашение № 075-15-2019-1662.

ДНК-транспозоны DTSSa4 в транскриптомах сиговых рыб озера Байкал

Черезова В.М.*, Майор Т.Ю., Сидорова Т.В., Сапожникова Ю.П., Королева А.Г., Суханова Л.В.

Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия

* Icherezova12@yandex.ru

Ключевые слова: ДНК-транспозоны; Tc1/*mariner*; RACE; нанопоровое секвенирование; температурный стресс; сиговые рыбы

Мотивация и цель: Геномы лососевых рыб содержат большое количество транскрибируемых мобильных элементов (МЭ). При стрессовых воздействиях, таких как температурный шок, гибридизация, токсины и болезни, транскрипция МЭ может усиливаться, в том числе и в составе мРНК генов хозяина. В основном информация о Tc1-подобных ДНК-транспозонах получена *in silico*. Однако для анализа присутствия целевых групп МЭ в мРНК транскриптов хозяина мы предлагаем методику *in vitro* «извлечения» фрагментов генов, фланкирующих транспозонные последовательности. Предлагаемый подход протестирован на семействе DTSSa4 ДНК-транспозонов Tc1/*mariner*, впервые обнаруженном у атлантического лосося *Salmo salar* [1] и показавшем дифференциальную активность при сравнении транскриптомов мозга байкальских озерного сига и омуля.

Методы и результаты: Объект исследования – байкальский озерный сиг. Геноспецифические праймеры подобраны на консервативный DDE-домен транспозазы и направлены в сторону 3' концов транскриптов. На мРНК рыб, полученных в контролируемых условиях ПАК ЛИИ СО РАН, методом RACE (Rapid Amplification of cDNA Ends) [2] в комплексе с NGS-нанопоровым секвенированием получено 4936 последовательностей, длиной 700–4200 п. н. (0.7 % от общего числа прочитанных). Подтверждено, что искомые последовательности содержат праймеры, метки, фрагмент транспозона и фрагмент гена хозяина.

Заключение: Подтверждено присутствие DTSSa4 ДНК-транспозонов Tc1/*mariner* в составе мРНК генов хозяина. Далее планируется анализ уровня экспрессии найденных мРНК с использованием данных RNAseq (Illumina) байкальского озерного сига, подвергнутого температурным воздействиям на ранних этапах онтогенеза (эмбриогенез и личиночная стадия).

Финансирование: Исследование поддержано проектом Российского научного фонда № 23-24-00644.

Список литературы

1. Boer J.G. et al. Bursts and horizontal evolution of DNA transposons in the speciation of pseudotetraploid salmonids. *BMC Genomics*. 2007;8:422
2. Matz M. et al. Amplification of cDNA ends based on template-switching effect and step-out PCR. *Nucleic Acids Research*. 1999;27(6):1558-1560

Анализ аномалий эпигенетического ландшафта хориона при различных патологиях беременности

Шевцов Д.Г.^{1,2*}, Зуев А.С.¹, Васильева О.Ю.¹, Саженова Е.А.¹, Толмачева Е.Н.¹, Никитина Т.В.¹, Васильев С.А.^{1,2}

¹ Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр

Российской академии наук, Томск, Россия

² Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, Россия

* daniil.shevtsov@medgenetics.ru

Ключевые слова: метилирование ДНК; хорион; спонтанный аборт; преэклампсия; гестационный сахарный диабет; дифференциально метилированные гены

Мотивация: На возникновение аномалий беременности влияют множество факторов, одним из которых является метилирование ДНК. Нарушение метилирования ДНК при развитии плода и плаценты может повлечь за собой множество исходов, таких как спонтанный аборт (СА), преэклампсия (ПЭ) и гестационный сахарный диабет (ГСД). В данной работе был проведен сравнительный анализ эпигенетического ландшафта генома между ворсинками хориона с аномалиями развития I и III триместров беременности.

Методы и алгоритмы: Профили метилирования генома в ворсинах хориона для ПЭ [1] и ГСД [2] были получены из открытых баз данных, для группы СА – с помощью бисульфитного массового параллельного секвенирования ограниченного набора локусов (RRBS) 8 спонтанных абортусов I триместра беременности с нормальным кариотипом. В дальнейшем были выявлены дифференциально метилированные регионы и гены для каждой из групп, после чего был проведен анализ обогащения.

Результаты: Сравнительный анализ эпигенетического ландшафта образцов с такими патологиями, как СА, ПЭ и ГСД выявил семь общих дифференциально метилированных генов: три гипометилированных – *WDR5*, *TMC4*, *MIR4533*; три гиперметилированных – *ADARB2*, *INPP5E*, *TUBB4A* – и один с различным направлением метилирования в разных частях гена – *PRDM16*. Среди генов, уникальных для спонтанного аборта, часть генов (*LRRC8A*, *HDLBP*, *HIC1*, *ST14*) ранее была связана с летальным фенотипом у мышей.

Заключение: Обнаруженные сходные дифференциально метилированные гены могут свидетельствовать о возможных общих паттернах нарушения эпигенетического ландшафта генома при различных патологиях беременности.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, грант № 23-15-00341.

Список литературы

1. Leavey K. et al. Epigenetic regulation of placental gene expression in transcriptional subtypes of preeclampsia. *Clinical Epigenetics*. 2018;10:28
2. Wang W.-J. et al. Genome-wide placental gene methylations in gestational diabetes mellitus, fetal growth and metabolic health biomarkers in cord blood. *Frontiers Endocrinology*. 2022;13:875180
3. Wilson S.L., Wendy P.R. Utility of DNA methylation to assess placental health. *Placenta*. 2018;64:S23-S28

Генетические особенности штамма *Wolbachia* wMelPlus и механизм его влияния на устойчивость *Drosophila melanogaster* к острому тепловому стрессу

Шишкина О.Д.^{1,2*}, Дерюженко М.А.¹, Андреевкова О.В.¹, Бобровских М.А.¹, Шацкая Н.В.¹, Васильев Г.В.¹, Коренская А.Е.¹, Клименко А.И.¹, Грунтенко Н.Е.¹

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

* shishkinaod@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: *Wolbachia*; *Drosophila melanogaster*; симбиоз; стресс; *CrzR*

Мотивация и цель: *Wolbachia* – род бактерий, которые относятся к наиболее известным внутриклеточным симбионтам членистоногих. Основным подходом для изучения взаимодействий в системах «*Wolbachia* – хозяин» было исследование разных штаммов бактерий, способных изменять фенотип хозяина. В коллекции линий *Drosophila melanogaster* ИЦиГ СО РАН был найден штамм *Wolbachia* wMelPlus, повышающий устойчивость своего хозяина к острому тепловому стрессу [1]. Цель настоящего исследования – поиск потенциальных механизмов появления индуцируемого вольбахией стрессоустойчивого фенотипа насекомых.

Методы и алгоритмы: Мы проанализировали две линии *D. melanogaster*, имеющие одинаковый ядерный генотип и инфицированные различными штаммами *Wolbachia*, wMelCS¹¹² и wMelPlus, и линию того же генотипа без *Wolbachia*. Секвенирование геномов штаммов wMelCS¹¹² и wMelPlus было проведено при помощи Oxford Nanopore и Illumina MiSeq. Сборка геномов штаммов была выполнена при помощи SPAdes, MinYS, Pilon, Ragout, Gfinisher, TruSeq и Polypolish. Секвенирование транскриптомов *D. melanogaster* осуществлено при помощи Illumina MiSeq. Сборка и анализ транскриптомов проведены при помощи Hmmer2, featureCounts, edgeR, ShinyGo v77.

Результаты: Мы выявили генетические особенности штамма wMelPlus и специфичный транскриптомный ответ *D. melanogaster* на инфицирование вольбахией этого штамма. В результате анализа группы ДЭГов повышение экспрессии гена коразонинового рецептора (*CrzR*) выделено как главный потенциальный фактор изменения ответа на стресс в нашей модели.

Заключение: Геном штамма wMelPlus содержит уникальную инверсию (1/6 длины всего генома). Предположительно, стрессоустойчивый фенотип хозяина, вызываемый этим штаммом, связан с активностью гена *CrzR*.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, № 21-14-00090.

Список литературы

1. Burdina E.V. et al. Unique *Wolbachia* strain wMelPlus increases heat stress resistance in *Drosophila melanogaster*. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*. 2021;106(4):e21776

Оценка степени деградации ДНК в зависимости от условий хранения

Юрова Э.О.* , Володенко Д.В.

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского, Ростов-на-Дону, Россия

* evaurova@gmail.com

Ключевые слова: ДНК; мтДНК; деградация; *ssmB*; *sox3*; ПЦР; электрофорез

Мотивация и цель: Работа по оценке деградации ДНК при разных условиях хранения выполнена с целью определить оптимальные условия хранения образцов ДНК. Полученные результаты можно использовать во время полевых выездов, где осуществляются сбор и перевозка биологического материала, где необходимо выбирать оптимальные условия хранения образцов, чтобы не допустить деградации ДНК [1, 2].

Методы и алгоритмы: В качестве объекта исследования использовали листья девичьего винограда (*Parthenocissus quinquefolia*), сои (*Glycine max*), катрана сердцелистного (*Crambe cordifolia*). Митохондриальную ДНК выделяли через 24 ч, 1 нед, 2 нед, 1 мес, 2 мес при разных условиях хранения. ПЦР анализ образцов проводили с праймерами *ssmB* и *sox3*. Электрофореграммы по двум митохондриальным генам анализировали с помощью УФ-трансиллюминатора BioRad.

Результаты: Визуально определяли степень деградации ДНК, хранившейся при комнатной температуре (25 °С), в морозильной камере (-20 °С) и сушильном шкафу. Анализ электрофореграммы с праймером *ssmB* показал, что при комнатной температуре спустя 2 мес у образцов деградации ДНК не наблюдалось. В морозильной камере и сушильном шкафу ДНК частично деградировала у образцов девичьего винограда и сои, хранившихся длительное время (более 1 мес). С праймером *sox3* при комнатной температуре ДНК также сохраняется. Однако при непродолжительном хранении в морозильной камере ДНК девичьего винограда и сои деградировала. При хранении в сушильном шкафу наблюдали деградацию ДНК всех трех видов растений.

Заключение: Образцы ДНК, хранящиеся в сушильном шкафу (45 °С), подвержены ускоренной деградации, как и в морозильной камере, поскольку из-за перепада температуры увеличивается риск поломки генетического материала. При комнатной температуре молекула ДНК не претерпевает сильного стресса и дольше остается целой, если срок хранения не превышает двух месяцев.

Список литературы

1. Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Чемерис А.В. Долговременное хранение молекул ДНК при комнатной температуре. *Биомика*. 2020;12(4):552-563. doi 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-49
2. Краснов Я.М., Гусева Н.П., Шаропова Н.А., Черкасов А.В. Современные методы секвенирования ДНК. *Проблемы особо опасных инфекций*. 2014;2:73-79

Challenges of modelling epilepsy in mice: the example of *kcna1* gene knockout

Akhmarov I.*, Kirillov O., Chirinskaite A., Sopova J., Leonova E.

Center for Transgenesis and Genome Editing, Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia

* luvk7411@yandex.ru

Key words: epilepsy; animal models; genome editing, *kcna1*

Motivation and Aim: Epilepsy is one of the most common neurological disorders. However, its pathogenesis and disease-related physiological changes are not well understood. The main reason for this is that epilepsy is very diverse, with more than 500 different genes now associated with the development of the disease [1]. Therefore, animal models are crucial for further investigation of epilepsy pathogenesis and treatment. We aimed to create a new mouse model of epilepsy by CRISPR-Cas9-mediated knockout of the *kcna1* gene. Previously, a similar mouse strain was created by inserting a neomycin resistance cassette into the *kcna1* locus, but these mice have a very high postnatal mortality (half of the newborn animals die by the fifth week) [2].

Methods and Algorithms: The guide RNA sequence was selected using the CRISPR Design Tool (Synthego), considering the optimal location of the binding site at the end of the reading frame to reduce the likelihood of lethal mutations. *In vitro* transcription was used to synthesize the guide RNA and RNA purification was performed using the Trizol method. The guide RNA was then tested *in vitro* using Cas9 protein and DNA with a nucleotide sequence corresponding to the target site of the *kcna1* gene. The prepared construct, consisting of guide RNA and Cas9 mRNA, was microinjected into zygotes, after which the zygotes were transferred into pseudopregnant mice.

Results: We obtained the first generation of mice (5 pups) Using the ICE Analysis service (Synthego), detailed data on the presence and size of deletions were obtained. The size of the deletions ranged from 1 to 19 nucleotides, in 3 out of 5 mice multiple mutation variants were detected. We observed spontaneous epileptic seizures at an early age (1–2 weeks). Unfortunately, all obtained animals died before reaching puberty (between 2 and 3 weeks of age).

Discussion: The mortality of the animals we obtained was higher than in the previously described model. This can be explained by the fact that in previous model the whole exon was replaced by a neomycin cassette, and the target protein could not be synthesized. Similar subunits (e.g. *kcna2*) may be involved in the formation of tetramers replacing the missing *kcna1* protein. In our case, the synthesis of the truncated protein may result in generation of non-functional channels. Further studies will focus on increasing the viability of the strain in the presence of spontaneous epileptic seizures.

Funding: The study is supported by the Saint Petersburg State University research project ID 116959511.

References

1. Wang J., Lin Z.J., Liu L. et al. Epilepsy-associated genes. *Seizure*. 2017;44:11-20
2. Smart S.L., Lopantsev V., Zhang C.L. et al. Deletion of the K(V)1.1 potassium channel causes epilepsy in mice. *Neuron*. 1998;20(4):809-819

Improving the digestibility of seed storage proteins in sorghum by RNA silencing of the gamma-kafirin gene: inheritance and expression of the RNAi genetic construct in mutants of cv. Avance and their hybrids

Borisenko N.^{1*}, Elkonin L.¹, Pylaev T.², Sarsenova S.¹, Panin V.¹

¹ Federal Centre of Agriculture Research of the South-East Region, Saratov, Russia

² Saratov State Medical University named after V.I. Razumovsky, Saratov, Russia

* borisencko-n.v@yandex.ru

Key words: RNAi; γ -kafirin; endosperm; *in vitro* protein digestibility; sorghum

Motivation and Aim: RNA interference technology is an effective tool for functional genomics and plant breeding down-regulating expression of various genes encoding biological and agronomically important traits. Sorghum is a high-yielding and drought-tolerant crop. However, sorghum seed storage proteins, kafirins, are resistant to protease digestion that makes sorghum grain less nutritious. Suppression of the synthesis of kafirins improves protein digestibility of sorghum grain [1]. Previously, by *Agrobacterium*-mediated genetic transformation, in the grain sorghum cv. Avance, we have obtained a mutant carrying a genetic construct for RNA silencing of the γ -kafirin gene [1]. Herein, we report on inheritance and expression of this genetic construct.

Methods and Algorithms: PCR, qPCR and RT-PCR methods as well as *in vitro* protein digestibility (IVPD) assay and protein SDS-PAGE were used. To study manifestation of agronomically important traits the T₃–T₅ progenies of the initial mutant carrying RNAi genetic construct were grown in experimental field in 3 replications for 3 seasons.

Results: It was found that the construct is stably inherited during self-pollination up to the T₅ generation. qPCR showed that in different plants from T₄ generation, the genetic construct is present in 1 or 2 copies. RT-qPCR revealed that the expression level of the γ -kafirin gene in developing kernels of T₄ plants was reduced by 3.5–84.1 times. Homozygous lines with different numbers of construct copies were identified, the copy number does not affect IVPD level. All transgenic lines with the RNAi construct differed from the original cultivar by high IVPD, floury endosperm, reduced height, 1000-grain weight, and grain yield per panicle. RNAi construct is inherited during hybridization, improving the digestibility of grain proteins in the F₁ hybrids.

Conclusion: The mutant lines reported herein may be used in functional genomics and for obtaining F₁ heterotic sorghum hybrids with high digestibility of grain proteins.

Funding: The research was supported by the grant of the Russian Science Foundation No. 24-16-00063.

References

1. Elkonin L.A., Panin V.M., Kenzhegulov O.A., Sarsenova S.Kh. RNAi-mutants of *Sorghum bicolor* (L.) Moench with improved digestibility of seed storage proteins. In: Jimenez-Lopez J.C. (Ed.). Grain and seed proteins functionality. London: Intech Open Ltd., 2021. doi 10.5772/intechopen.96204

Meta-analysis of the heat shock response of *Drosophila melanogaster*

Deryuzhenko M.* , Gruntenko N.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

*maksimd@bionet.nsc.ru

Key words: meta-analysis; heat shock response; *Drosophila melanogaster*

Motivation and Aim: More than 30 years ago, existence of a unified response to different stressors in insects was found in *Drosophila*. Then its neurohormonal mechanism was described and characterized by high conservatism [1, 2]. With the development of sequencing and data analysis technologies, it has become possible to reconstruct and predict genetic mechanisms more precisely. Based on the analysis of the transcriptomic response to heat shock, we aim to reconstruct the stress response system in more details.

Methods and Algorithms: In meta-analysis of transcriptomic data, we used Python3 scripts that are partially based on InterTransViewer [3] program. Functional annotation of genes was performed by using NCBI, Ensembl, FlyBase databases and the ShinyGO v0.77 [4] utility. Gene network reconstruction was made by using StringDB database.

Results: We found only three heat shock experiments in *D. melanogaster* conducted in the same conditions [5, 6]. Due to the low number of experiments, we decided not to use the formula for calculating weights proposed by the InterTransViewer program and to focus on differentially expressed genes with a standard level of confidence ($FDR \leq 0.05$). A total of 235 genes common among 3 data sets were found. Four major groups of genes were identified: those involved in lipid catabolism, protein stacking, translation regulation in response to stress, and – unexpectedly – in response to cold.

Conclusion: Through the use of functional annotation of the selected genes and analysis of additional literature, we expanded the existing gene network of response to heat shock. However, additional experimental verification of the results obtained is required.

Funding: The study is supported by BP No. FWNR-2022-0019 of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation.

References

1. Rauschenbach I.Y. et al. Stress-like reaction of *Drosophila* to adverse environmental factors. *J Comp Physiol B Biochem Syst Environ Physiol*. 1987;157(4):519-531
2. Bobrovskikh M.A., Gruntenko N.E. Mechanisms of neuroendocrine stress response in *Drosophila* and its effect on carbohydrate and lipid metabolism. *Insects*. 2023;14(5):474
3. Tyapkin A.V., Lavrekha V.V., Ubogoeva E.V., Oshchepkov D.Y., Omelyanchuk N.A., Zemlyanskaya E.V. InterTransViewer: a comparative description of differential gene expression profiles from different experiments. *Vavilov J Genet Breed*. 2023;27(8):1042-1052
4. Ge S.X. et al. ShinyGO: a graphical gene-set enrichment tool for animals and plants. *Bioinformatics*. 2020;36(8):2628-2629
5. Boyd J. et al. Transcriptomic Analysis Pipeline (TAP) for quality control and functional assessment of transcriptomes. *Res Sq* [Preprint]. 2023;11(3):3390128
6. Lecheta M. C. et al. Integrating GWAS and transcriptomics to identify the molecular underpinnings of thermal stress responses in *Drosophila melanogaster*. *Frontiers Genetics*. 2020;11:658

Differential gene expression in young and old rats in response to chronic unpredictable stress

Golushko N.I.^{1*}, Kolesnikova T.O.², Prokhorenko N.O.², Shevlyakov A.D.², Ikrin A.N.², Galstyan D.S.^{1,3}, Ilyin N.P.^{1,3}, Demin K.A.¹

¹ Institute of Translational Biomedicine, St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

² Neurobiology Program, Sirius University of Science and Technology, Sirius, Russia

³ Institute of Experimental Medicine, Almazov National Medical Research Centre, Ministry of Healthcare of Russian Federation, St. Petersburg, Russia

* abvaxk21@bk.ru

Key words: RNA sequencing; DGE; chronic stress; aging; functional enrichment analysis; WGCNA

Motivation and Aim: Aging and stress are known to significantly affect gene expression and physiological functions in mammals. However, the specific patterns of differential gene expression in response to stress across different age groups remain insufficiently studied. Our study investigates the impact of stress on gene expression in young and old rats, focusing on age-related differences in stress response pathways.

Methods and Algorithms: RNA sequencing was used to analyze gene expression profiles in two groups of rats (young and old) exposed to stress. Young (4 months) and old rats (12–14 months) were subjected to daily chronic unpredictable stress for 5 weeks, then samples of their hippocampus were sequenced. Differential gene expression analysis was performed, identifying genes with significant expression changes. Functional enrichment analysis (GSEA and GAGE) [1] was applied to uncover the biological processes and pathways affected by stress. Weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) [2] was conducted to explore gene co-expression modules associated with age and stress response.

Results: A total of 202 differentially expressed genes (DEGs) were identified in old rats (12 UP and 99 DOWN) and 435 DEGs were found in young rats (201 UP and 234 DOWN). 55 common DEGs were observed between two groups, many of which were associated with ribosome function and protein synthesis, showing opposing trends in expression (upregulated in young and downregulated in old rats). WGCNA identified modules linked to ribosome activity, mitochondria and neurodegenerative diseases. Pathway analysis in young rats revealed increased activity of mitochondrial pathways and cortisol secretion regulation, while in old rats, there was a decrease in ribosomal activity, cell motility and oxidative phosphorylation pathways.

Conclusion: Co-expression analysis demonstrates the difference between age and stress factors in the studied groups of rats. Several clusters demonstrated differences between stressed and non-stressed animals related to translation functions, mitochondrial activity, cytoskeleton and PI3K signalling. Other clusters showed no clear association with age and stress, which may indicate false positives.

Funding: This study was supported by Russian Science Foundation project 23-25-00246.

References

1. Luo W., Friedman M.S., Shedden K. et al. GAGE: generally applicable gene set enrichment for pathway analysis. *BMC Bioinformatics*. 2009;10:161. doi 10.1186/1471-2105-10-161
2. Langfelder P., Horvath S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. *BMC Bioinformatics*. 2008;9:559. doi 10.1186/1471-2105-9-559

The CRISPR/Cas9 genome editing system to obtain a targeted deletion in the *iucA* gene of *Klebsiella pneumoniae*

Kandina D. *, Sopova J., Velizhanina M.

Center for transgenesis and genome editing, Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia

* candyda20@mail.ru

Key words: *Klebsiella pneumoniae*; aerobactin; CRISPR/Cas9; hypervirulence; antibiotic resistance

Motivation and Aim: *Klebsiella pneumoniae* is one of the most prevalent nosocomial pathogens. Recently, a novel combination of virulence genes (different operons of siderophore synthesis) and antibiotic resistance genes (metallo- β -lactamases) has been identified in a single strain, representing a previously unobserved phenomenon [1].

The objective of this study was to create a directed deletion of the plasmid-localised *iucA* gene, which encodes NIS-synthetase and is involved in the synthesis of the siderophore aerobactin. This was done in order to characterize its functional role in the development of hypervirulence in *K. pneumoniae*, which also possesses multiple antibiotic resistance. In pathogenic bacteria, siderophores (trivalent iron chelators) play an important role in virulence and are most often localised on the pLVPK plasmid.

Methods and Algorithms: The pUC19_CRISPR_Δ*iucA* system, comprising a selective marker for zeocin resistance, is based on the pUC19_CRISPR_Δ*pmrA* vector [2], which encodes *S. pyogenes* Cas9 nuclease. The Lambda red bacteriophage λ recombination system was employed to edit the *K. pneumoniae* genome, as well as genes encoding a guide RNA (sgRNA) and a homologous recombination cassette carrying the desired mutation in the *iucA* gene.

Results: Following the transformation of hypervirulent antibiotic-resistant *K. pneumoniae* strains isolated from patients in St. Petersburg hospitals with the plasmid pUC19_CRISPR_Δ*iucA*, strains 3911 and 1128 were obtained with a targeted deletion (80 bp) in the *iucA* gene on the pLVPK plasmid, resulting in a shift of the reading frame and formation of a premature stop codon. Two outcomes were observed. In the case of strain 3911, the pLVPK hypervirulence plasmid, which carries the aerobactin synthesis operon, was completely lost by the bacteria. In the case of strain 1128, the desired deletion with a reading frameshift was observed. Qualitative assessment of siderophore production in the resulting mutants on CAS agar revealed a reduction in the area of dye destruction compared to the wild-type strains, indicating a successful knockout of the *iucA* gene.

Conclusion: Consequently, the utilisation of the CRISPR/Cas9 system for the genomic editing of *K. pneumoniae* represents an efficacious methodology, which can be employed in genetic engineering tasks for other *Enterobacteriaceae*.

Funding: The study is supported by the SPbSU grant PURE ID 116959511.

References

1. Ageevets V.A. et al. Convergence of multiple resistance and hypervirulence in *Klebsiella pneumoniae*. *Russian Journal Infection Immunity*. 2022;12(3):450-460
2. McConville T.H. et al. An efficient and versatile CRISPR-Cas9 system for genetic manipulation of multi-drug resistant *Klebsiella pneumoniae*. *STAR Protoc*. 2021;2(1):100373

Sugar transporter genes' differential expression in Karelian birch (*Betula pendula* var. *carelica*) trunk tissues under different xylogenesis scenarios

Korzhenevskiy M.A.^{1*}, Pomeranets A.K.¹, Gorshkov O.V.², Moshchenskaya Yu.L.¹, Galibina N.A.¹

¹ Forest Research Institute of the Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Petrozavodsk, Russia

² Kazan Institute of Biochemistry and Biophysics of Kazan Science Centre of the Russian Academy of Sciences, Kazan, Russia

* Maksim.korjan@gmail.com

Key words: sugar transporters; xylogenesis; *Betula pendula*

Motivation and Aim: Sugar transport predominant pathway in the cambial zone may determine xylogenesis scenarios. Sugars can flow either through the symplast via plasmodesmata, or through the apoplast via sugar transporter proteins from the conducting phloem to xylem differentiating tissues. The objects of our study are Karelian birch (*Betula pendula* var. *carelica*) plants with figured and non-figured wood, which are characterized by a violation of the orientation and the ratio of structural elements. The aim of the study is to identify the role of apoplastic transport in the Karelian birch trees trunk tissues formation in under different xylogenesis scenarios.

Methods and Algorithms: Karelian birch trunk tissues sampling was carried out at different stages of the cambial growth (24 May, 9 and 27 June) from non-figured plants, and figured plants with short trunks and bush-like trunks. For analysis, fraction (F) 1 (the conducting phloem and the cambial zone), F2 (the differentiating xylem), F3 (mature xylem of the current year) were selected. Transcriptomic data were obtained from F1 and F2. Genes' expression in F3 was assessed by PCR-RT.

Results: Among 49 studied genes (families of sugar transporters *SUT*, *SWEET*, *MST*), 16 were not expressed according to transcriptome data. Among the expressed genes, 13 differentially expressed genes were found. Differences were found between the figured and non-figured forms, while figured plants with short and bush-like trunk forms differed by the expression of only one gene.

Conclusion: The difference in carbohydrate transporters' expression between figured and non-figured forms allows us to speak about the role of apoplastic transport in abnormal wood formation in Karelian birch. Both up- and down-expressed genes are observed, indicating complex changes in the function of short-distance carbohydrate transport.

Funding: The research was supported by the Russian Science Foundation, grant number 22-74-00096 and under state order of Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences (Forest Research Institute KarRC RAS).

Solvent-driven structural dynamics of NAD(P)H:FMN-oxidoreductase

Pahtusov D.S.¹, Deeva A.A.^{1,2*}

¹ Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia

² Surgut State University, Surgut, Russia

* adeeva@sfu-kras.ru

Key words: solvent tolerance; conformational change; molecular dynamics

Motivation and Aim: To develop a highly sensitive indicator system for detecting trace pollutants, such as petroleum products, it is effective to utilize an enzymatic system that includes bacterial luciferase (BLuc) and NAD(P)H:FMN oxidoreductase (Red). Pollution levels can be measured by observing variations in the intensity of the light emitted during the bioluminescent reaction catalyzed by Bluc. When Bluc is coupled with Red, a continuous luminescent signal can be achieved, since Red provides the reduced substrate necessary for the luciferase reaction. Recent research indicates that the sensitivity of the BLuc-Red system to external influences is often linked to changes in Red activity [1]. Thus, exploring how different solvents used for probe preparation affect the structure and dynamics of this enzyme is important for optimizing its application in enzymatic biotests.

Methods and Algorithms: The structure of Red was taken from the Protein Data Bank (PDB ID: 1VFR), and the ligand molecules were removed before modeling. Two systems were then prepared: (1) containing the protein, water molecules, and Na⁺ ions, and (2) the protein in an aqueous solution of acetone (w/w 10 %). For each system, energy minimization was performed, followed by two relaxation steps (NVT and NPT) and three independent runs of molecular dynamics. The modeling was conducted using the GROMACS 2020.4 software package in the GROMOS96 54a7 force field. The simulation time for each run was 100 ns.

Results: As a result of molecular dynamics simulations, it was found that an aqueous solution of acetone has little effect on the stability of the Red structure. Mobility analysis showed that the dynamics of certain amino acid residues in the flexible domain (from 90 to 134 a.a.) change in the presence of acetone. This region of the structure forms the binding site for one of the substrates of Red – NAD(P)H. Since the active center of the enzyme is formed by two subunits in a homodimer, a comparative assessment of hydrogen bonds between the subunits was conducted; however, no significant differences were found.

Conclusion: The presence of acetone in the reaction mixture may lead to changes in Red's specificity for this substrate and affect the efficiency of the catalyzed reaction, which should be taken into account when optimizing the reaction mixture for biotesting.

Funding: The study is supported by the grant of Russian Science Foundation, No. 24-14-20030, <https://rscf.ru/project/24-14-20030/>

References

1. Sutormin O.S. et al. Coupling of NAD (P) H: FMN-oxidoreductase and luciferase from luminous bacteria in a viscous medium: finding the weakest link in the chain. *Photochemistry Photobiology*. 2024;100:465-476

Inter-varietal variability of transcription factor WRKY in *Vitis vinifera* based on transcriptomic data

Sinchenko A.*, Vodiasova E., Uppe V., Khvatkov P.

The Labor Red Banner Order Nikita Botanical Gardens – National Scientific Center of the RAS,

Kurchatov Genomic Center NBG-NSC, Yalta, Russia

* *nas.sin4enko@gmail.com*

Key words: *Vitis vinifera*; WRKY transcription factors; intraspecific variation; transcriptome analysis

Motivation and Aim: WRKY is plant specific transcription factors which involved in responses to stress and development. WRKY is a multigene family with a complex evolution and the specific roles of each gene are not yet fully understood. *Vitis vinifera* is one of the most widely cultivated plant species for commercial purposes. Previously we identified 62 WRKY genes in grape based on genomic data, determining their chromosomal positions and revealing intraspecific genetic variability across different grapevine cultivars. This study is devoted to exploring WRKY genes variability across grape cultivars to analyse possibility of indirectly influence on the resistance of different varieties to stress factors.

Materials and Methods: Transcriptomic data from 50 cultivars in the NCBI database, along with cultivars from the Nikita Botanical Gardens, were analyzed. Data preprocessing was performed using SRAtools and FastQC, while RNA QUAST and BUSCO were used to evaluate assembly quality. Bowtie2 was used for alignment, and TransDecoder for transcript quantification. Functional annotation was carried out with InterProScan. For sequence alignment and phylogenetic analysis, MAFFT and IQ-TREE were used.

Results: Transcriptomic data of 50 cultivars were analyzed to investigate WRKY genes variability. In some transcriptomes not all 62 WRKY genes were not identified. This may be explained by low sequencing coverage or specific gene expression patterns in various samples. Genetic distance among WRKY genes across grape cultivars varied from 0 to 0.117, reflecting differing levels of genetic variability within this gene family. WRKY genes were grouped into three categories based on evolutionary pressures: positive selection, neutral evolution, and negative selection. Negative selection is prevalent among the WRKY genes analyzed, suggesting conserved functions. A small portion of genes are under positive selection, and an even smaller subset exhibits neutral evolution. No significant relationship was observed between variability and selection type.

Conclusion: This study revealed the genetic variability and selection pressures on some WRKY genes among *Vitis vinifera* cultivars, that suggesting potential cultivar-specific functions. It is required additional investigations.

Funding: The study is supported by the Russian Science Foundation Grant No. 23-76-10013.

Acknowledgements: The transcriptomic data analysis performed using computational resources of the Kurchatov Genomic Center NBG-NSC.

The impact of *Zea mays* mitochondrial plasmids on the evolution of nuclear genes

Zverintseva K.^{1*}, Gorbenko I.²

¹ *Biosoil Department, Irkutsk State University, Irkutsk, Russia*

² *Cell Biology and Bioengineering, Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry, SB RAS, Irkutsk, Russia*

* *zverincewa@mail.ru*

Key words: *Zea mays*; mitochondrial plasmids; mobile genetic elements; NuMTs; tRNA; genome evolution

Motivation and Aim: Mitochondria of higher plants contain autonomously replicating linear and circular plasmids [1], with linear plasmids known to be able to insert into the mitogenome [2]. Due to the similarity of linear plasmids to mobile elements and known events of mitogenome insertions into the nuclear genome (NuMTs [3]), the investigation of the origin of mitochondrial plasmid insertions into the maize nuclear genome, their potential impact on the genome evolution and potential for construction of novel genome transformation systems are important yet unresolved problems. The aim of the current study is the detection and analysis of plasmid insertions in maize nuclear genomes.

Methods and Algorithms: Using BLAST software we searched for maize mitochondrial plasmid sequences (GenBank ID: X13704.1 (S3), J01426.1 (S2), X02451.1 (S1), M36398.1 (1.4 kb), NC_001400.1 (pBMSmt1.9, 1.9 kb)) in genomes of 24 maize inbred lines with chromosome-quality assemblies available at the MaizeGDB database (<https://www.maizegdb.org/>). Genome annotations of the B73 line (RefSeq ID GCF_902167145.1) were used for detailed analysis.

Results: Analysis of 24 genomes of maize inbred lines showed the presence of insertions of all linear and circular mitochondrial plasmids in the nuclear genome. This fact suggests that maize mitochondrial plasmids behave as MGEs with inter-organelle mobility. The median identity of the insertions was 95 %, indicating recent insertion events. Insertions contain homologous sequences to open reading frames (ORFs) and tRNAs, as well as full-length sequences for S3. The frequencies of insertions in the maize B73 reference genome vary across different genomic regions, overlapping with mobile genetic elements, pseudogenes, and introns of protein-coding genes, which may indicate their regulatory role. Phylogenetic analysis revealed distinct groups of nuclear genome tRNAs related to tRNAs introduced by plasmid S3 insertions.

Conclusion: As a result, we can conclude that maize mitochondrial plasmids, along with other MGEs, influenced the evolution of maize genes.

References

1. Bengtsson B.O., Andersson H. The population genetics of plant mitochondrial plasmids. *J Theor Biol.* 1997;188(2):163-176
2. Allen J.O. et al. Comparisons among two fertile and three male-sterile mitochondrial genomes of maize. *Genetics.* 2007;177(2):1173-1192
3. Michalovová M., Vyskot B., Kejnovsky E. Analysis of plastid and mitochondrial DNA insertions in the nucleus (NUPTs and NUMTs) of six plant species: size, relative age and chromosomal localization. *Heredity.* 2013;111(4):314-320

Авторский указатель / Author index

Алейнова О.А. 2, 3, 9, 18, 24
 Алрхмун С. 1, 20
 Алсаллум А. 1
 Ананьев А.А. 2, 24
 Андреевская О.В. 29
 Ахмаров И. 12

Бакунов А.Л. 7
 Береш А.А. 3
 Бикташева М.О. 4
 Бобровских М.А. 29

Васильев Г.В. 29
 Васильев С.А. 15, 28
 Васильева О.Ю. 28
 Васина В.М. 10
 Вахтеева Е.А. 5, 11
 Вилис П.С. 6
 Володенко Д.В. 30
 Вольнец М.О. 1
 Вязовой А.А. 7

Глызина О.Ю. 5, 11
 Грунтенко Н.Е. 29
 Гулаева Н.В. 7

Данилова А.А. 8, 14, 21
 Данилова О.А. 8
 Дейнеко Е.В. 25
 Деменева В.В. 15
 Дерюженко М.А. 29
 Днепровская А.А. 9

Евстигнеев М.П. 16
 Емельянов С.Р. 10
 Епифанцев А.А. 5, 11

Зуев А.С. 28

Кириллов О. 12
 Кирпичникова А.А. 4
 Киселёв К.В. 9, 18, 24
 Киселев К.К. 3
 Климанова Е.А. 13
 Клименко А.И. 29
 Коваленко А.В. 14
 Коренская А.Е. 29

Королева А.Г. 5, 11, 27
 Крылова Е.А. 6
 Курилин В.В. 1
 Кутырев И.А. 10

Лантушенко А.О. 16
 Леонова Е. 12
 Лопатникова Ю.А. 1
 Лушников И.В. 15

Мегер Я.В. 16
 Майор Т.Ю. 27
 Маркелова М.И. 8, 14, 21
 Маркова В.Е. 19, 23
 Медведев С.С. 6
 Милехин А.В. 7

Назаров К.В. 1, 20
 Никитина Т.В. 28
 Нитяговский Н.Н. 2, 9, 18

Огнева З.В. 3
 Ощепкова К.И. 19

Перик-Заводская О.Ю. 1, 20
 Перик-Заводский Р.Ю. 1, 20
 Пермьякова Н.В. 25
 Пономарева Е. 21
 Потапов С.А. 5, 11

Родионов К. 22
 Рубцов С.Л. 7

Саженова Е.А. 28
 Салина Е.А. 26
 Сапожникова Ю.П. 5, 11, 27
 Сенников С.В. 1, 20
 Сидорова Т.В. 5, 11, 27
 Сидорчук Ю.В. 25
 Силков А.Н. 1
 Ситников М. 22
 Смирнова О.Г. 26
 Смоликова Г.Н. 6
 Сопова Ю. 12
 Степанов А.Д. 19, 23
 Супрун А.Р. 3, 24
 Суханова Л.В. 5, 11, 27

- Толмачева Е.Н. 28
Трубецкая Е.В. 3, 18
- Ф**илиппова Ю.Г. 1
Фишер М.С. 1
Франкевич Т.А. 25
- Хахимов М.Б. 26
Хлесткина Е.К. 6
- Ч**erezova B.M. 5, 11, 27
Чиринская А. 12
- Ш**ацкая Н.В. 29
Шевцов Д.Г. 28
Шевченко Ю.А. 1, 20
Шишкина О.Д. 29
Шишкова Д.К. 19, 23
Шишова М.Ф. 4
- Ю**рова Э.О. 30
- Я**хненко В.М. 5, 11
- Akhmarov I. 31
- Borisenko N. 32
- Chirinskaite A. 31
- Д**eeva A.A. 37
Demin K.A. 34
Deryuzhenko M. 33
- Elkonin L. 32
Evstigneev M.P. 17
- Galibina N.A. 36
- Galstyan D.S. 34
Golushko N.I. 34
Gorbenko I. 39
Gorshkov O.V. 36
Gruntenko N. 33
- Ikrin A.N. 34
Ilyin N.P. 34
- K**andina D. 35
Khvatkov P. 38
Kirillov O. 31
Kolesnikova T.O. 34
Korzhenevskiy M.A. 36
- Lantushenko A.O. 17
Leonova E. 31
- M**eger Ya.V. 17
Moshchenskaya Yu.L. 36
- P**ahtusov D.S. 37
Panin V. 32
Pomeranets A.K. 36
Prokhorenko N.O. 34
Pylaev T. 32
- Sarsenova S. 32
Shevlyakov A.D. 34
Sinchenko A. 38
Sopova J. 31, 35
- Uppe V. 38
- Velizhanina M. 35
Vodiasova E. 38
- Zverintseva K. 39

Содержание/Contents

Программа / Program	IV
Современные подходы к иммунотерапии рака: выявление антигенспецифичных TCR с помощью секвенирования единичных клеток <i>Алрхмун С., Фишер М.С., Лопатникова Ю.А., Перик-Заводская О.Ю., Вольнец М.О., Перик-Заводский Р.Ю., Шевченко Ю.А., Назаров К.В., Филиппова Ю.Г., Алсаллум А., Курилин В.В., Силков А.Н., Сенников С.В.</i>	1
Изменчивость биоразнообразия эндофитов модельного растения <i>Arabidopsis thaliana</i> при совместном проращивании с бактериями и грибами из дикорастущего винограда <i>Vitis amurensis</i> <i>Ананьев А.А., Нитяговский Н.Н., Алейнова О.А.</i>	2
Влияние внешней обработки стильбенами на устойчивость растений арабидопсиса <i>Arabidopsis thaliana</i> и томата <i>Solnum lycopersicum</i> к абиотическим стрессам <i>Береш А.А., Трубецкая Е.В., Алейнова О.А., Огнева З.В., Супрун А.Р., Киселев К.К.</i>	3
Изменение экспрессии генов, кодирующих H ⁺ -АТФазу плазмалеммы клеток колеоптилей проростков риса при затоплении <i>Бикташева М.О., Кирпичникова А.А., Шишова М.Ф.</i>	4
Дифференциальная экспрессия генов, связанных с острым и хроническим температурным стрессом у байкальского омуля (<i>Coregonus migratorius</i>) и пеляди (<i>C. peled</i>) <i>Вахтеева Е.А., Епифанцев А.А., Королева А.Г., Сидорова Т.В., Потапов С.А., Суханова Л.В., Глызина О.Ю., Черезова В.М., Яхненко В.М., Сапожникова Ю.П.</i>	5
Анализ паттерна метилирования промоторов генов, кодирующих АБК-зависимые факторы транскрипции ABI3, ABI4 и ABI5, в зародышевых осях <i>Pisum sativum</i> L. на этапе перехода от семени к проростку <i>Вилис П.С., Крылова Е.А., Хлесткина Е.К., Медведев С.С., Смоликова Г.Н.</i>	6
Оценка перспективного материала картофеля по устойчивости к патогенам с использованием методов маркер-ассоциированной селекции <i>Вязовой А.А., Бакунов А.Л., Рубцов С.Л., Гулаева Н.В., Милехин А.В.</i>	7
Первые сведения о представленности генов метаболизма фосфора в выщелоченном черноземе Приобья <i>Данилова О.А., Маркелова М.И., Данилова А.А.</i>	8
Идентификация патогенов винограда Приморского края России при помощи высокопроизводительного секвенирования <i>Днепровская А.А., Нитяговский Н.Н., Киселёв К.В., Алейнова О.А.</i>	9

Сборка <i>de novo</i> транскриптомов органов иммунной системы рыб <i>Емельянов С.Р., Васина В.М., Кутырев И.А.</i>	10
Исследование влияния температурной адаптации на стрессовые реакции байкальского сига (<i>Coregonus baikalensis</i>) с использованием транскриптомного анализа <i>Епифанцев А.А., Вахтеева Е.А., Королева А.Г., Сидорова Т.В., Потапов С.А., Суханова Л.В., Глызина О.Ю., Черезова В.М., Яхненко В.М., Сапожникова Ю.П.</i>	11
Создание конструкций для направленной вставки генетически кодируемых индикаторов мембранного потенциала Voltron и Positron в локус <i>Rosa26</i> <i>Кириллов О., Ахмаров И., Чиринскойте А., Сопова Ю., Леонова Е.</i>	12
Влияние полиморфизма в гене <i>BMP-15</i> на структуру и свойства белка <i>Климанова Е.А.</i>	13
Представленность генов метаболических путей трансформации органического вещества в черноземе выщелоченном Приобья <i>Коваленко А.В., Маркелова М.И., Данилова А.А.</i>	14
Уровень метилирования ретротранспозона LINE-1 коррелирует в ворсинах хориона спонтанных абортусов из одних и тех же семейств <i>Лушиников И.В., Деменева В.В., Васильев С.А.</i>	15
Анализ пloidности партеногенетических и половых популяций рода <i>Artemia</i> на основе частот гетерозиготных к-меров по данным wgs секвенирования (Ploidy analysis of parthenogenetic and sexual populations of the genus <i>Artemia</i> based on frequencies of heterozygous k-mer from wgs sequencing data) <i>Мегер Я.В., Лантушенко А.О., Евстигнеев М.П. (Meger Ya.V., Lantushenko A.O., Evstigneev M.P.)</i>	16
Транскриптомный анализ растений <i>Arabidopsis thaliana</i> после обработки стильбенами, кумаровой и салициловой кислотой <i>Нитяговский Н.Н., Алейнова О.А., Трубецкая Е.В., Киселёв К.В.</i>	18
Протеомное профилирование эндотелиального секретома после воздействия кальципротеиновых частиц выявляет снижение экспрессии компонентов внеклеточного матрикса <i>Ощепкова К.И., Степанов А.Д., Шишкова Д.К., Маркова В.Е.</i>	19
Таргетированная транскриптомика NanoString и scRNA-seq раскрывает иммунорегуляторный потенциал эритроидных клеток плаценты человека и мыши <i>Перик-Заводская О.Ю., Перик-Заводский Р.Ю., Назаров К.В., Алрхмун С., Шевченко Ю.А., Сенников С.В.</i>	20
Влияние агроприемов на генетический потенциал микробиоты почв Приобья, связанный с метаболизмом азота <i>Пономарева Е., Маркелова М., Данилова А.</i>	21

Стратегия изучения источников устойчивости картофеля к бактериальным заболеваниям из коллекции ВИР <i>Родионов К., Ситников М.</i>	22
Протеомное профилирование эндотелиального секрета после воздействия кальципротеиновых частиц выявляет повышенную секрецию маркеров эндотелиального шеддома <i>Степанов А.Д., Шишкова Д.К., Маркова В.Е.</i>	23
Поиск стильбен-содержащих эндофитов винограда <i>Vitis amurensis</i> <i>Супрун А.Р., Ананьев А.А., Киселёв К.В., Алейнова О.А.</i>	24
Изучение влияния нокаута генов <i>GAUT1</i> и <i>GAUT7</i> на агрегативность клеток в суспензионной культуре <i>Arabidopsis thaliana</i> <i>Франкевич Т.А., Пермякова Н.В., Сидорчук Ю.В., Дейнеко Е.В.</i>	25
Анализ коллекционного материала свёклы <i>Beta vulgaris</i> L. с использованием SSR маркеров <i>Хакимов М.Б., Смирнова О.Г., Салина Е.А.</i>	26
ДНК-транспозоны <i>DT5sa4</i> в транскриптомах сиговых рыб озера Байкал <i>Черезова В.М., Майор Т.Ю., Сидорова Т.В., Сапожникова Ю.П., Королева А.Г., Суханова Л.В.</i>	27
Анализ аномалий эпигенетического ландшафта хориона при различных патологиях беременности <i>Шевцов Д.Г., Зуев А.С., Васильева О.Ю., Саженова Е.А., Толмачева Е.Н., Никитина Т.В., Васильев С.А.</i>	28
Генетические особенности штамма <i>Wolbachia wMelPlus</i> и механизм его влияния на устойчивость <i>Drosophila melanogaster</i> к острому тепловому стрессу <i>Шишкина О.Д., Дерюженко М.А., Андреевкова О.В., Бобровских М.А., Шацкая Н.В., Васильев Г.В., Коренская А.Е., Клименко А.И., Грунтенко Н.Е.</i>	29
Оценка степени деградации ДНК в зависимости от условий хранения <i>Юрова Э.О., Володенко Д.В.</i>	30
Challenges of modelling epilepsy in mice: the example of <i>kcnk1</i> gene knockout <i>Akhmarov I., Kirillov O., Chirinskaite A., Sopova J., Leonova E.</i>	31
Improving the digestibility of seed storage proteins in sorghum by RNA silencing of the gamma-kafrin gene: inheritance and expression of the RNAi genetic construct in mutants of cv. Avance and their hybrids <i>Borisenko N., Elkonin L., Pylaev T., Sarsenova S., Panin V.</i>	32
Meta-analysis of the heat shock response of <i>Drosophila melanogaster</i> <i>Deryuzhenko M., Gruntenko N.</i>	33

Differential gene expression in young and old rats in response to chronic unpredictable stress <i>Golushko N.I., Kolesnikova T.O., Prokhorenko N.O., Shevlyakov A.D., Ikrin A.N., Galstyan D.S., Ilyin N.P., Demin K.A.</i>	34
The CRISPR/Cas9 genome editing system to obtain a targeted deletion in the <i>iucA</i> gene of <i>Klebsiella pneumoniae</i> <i>Kandina D., Sopova J., Velizhanina M.</i>	35
Sugar transporter genes' differential expression in Karelian birch (<i>Betula pendula</i> var. <i>carelica</i>) trunk tissues under different xylogenesis scenarios <i>Korzhenevskiy M.A., Pomeranets A.K., Gorshkov O.V., Moshchenskaya Yu.L., Galibina N.A.</i>	36
Solvent-driven structural dynamics of NAD(P)H:FMN-oxidoreductase <i>Pahtusov D.S., Deeva A.A.</i>	37
Inter-varietal variability of transcription factor WRKY in <i>Vitis vinifera</i> based on transcriptomic data <i>Sinchenko A., Vodiasova E., Uppe V., Khvatkov P.</i>	38
The impact of <i>Zea mays</i> mitochondrial plasmids on the evolution of nuclear genes <i>Zverintseva K., Gorbenko I.</i>	39
Авторский указатель / Author index.....	40

Научное издание

МУЛЬТИШКОЛА МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ

SBB-2024

СИСТЕМНАЯ БИОЛОГИЯ И БИОИНФОРМАТИКА

15-я Международная школа молодых ученых

SYSTEMS BIOLOGY AND BIOINFORMATICS

15th International Young Scientists School

PlantGen School 2024

ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА

И БИОТЕХНОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ

4-я Школа молодых ученых

PLANT GENETICS, GENOMICS,

BIOINFORMATICS AND BIOTECHNOLOGY

4th Young Scientists School

25–30 ноября 2024, Новосибирск, Россия

November 25–30, 2024, Novosibirsk, Russia

Программа / Program

Тезисы докладов / Abstracts

Публикуются в авторской редакции / Printed without editing

Выпуск подготовлен информационно-издательским отделом ИЦиГ СО РАН

Подписано к печати 15.11.2024. Формат 70 × 108 ¹/₁₆. Усл. печ. л. 5.25

Тираж 120 экз. Заказ № 936

Федеральный исследовательский центр «Институт цитологии и генетики
Сибирского отделения Российской академии наук»

630090, Новосибирск, просп. Академика Лаврентьева, 10

Отпечатано в типографии «АЛЕКСПРЕСС». ИП Малыгин Алексей Михайлович

630090, Новосибирск, просп. Академика Лаврентьева, 6/1, оф. 104, тел. (383) 217 4346

Хронология Школ серии SBB и PlantGen School

С 2008 по 2024 год включительно Институт цитологии и генетики СО РАН (ИЦиГ СО РАН, Новосибирск) организовал 15 школ серии SBB:

- Первая школа "Evolution, Systems Biology and High Performance Computing Bioinformatics" • Новосибирск, 2008
- Вторая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2010
- Третья школа "Bioinformatics and Systems Biology" • Новосибирск, 2011
- Четвертая школа "Bioinformatics and Systems Biology" • Новосибирск, 2012
- Пятая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2013
- Шестая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2014
- Седьмая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2015
- Восьмая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2016
- Девятая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Ялта, 2017
- Десятая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2018
- Одиннадцатая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2019
- Двенадцатая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Ялта, Севастополь, 2020
- Тринадцатая школа "Systems Biology and Bioinformatics" • Новосибирск, 2021
- 14-я Международная школа молодых ученых «Системная биология и биоинформатика» • Новосибирск, 2023
- 15-я Международная школа молодых ученых «Системная биология и биоинформатика» • Новосибирск, 2024**

В серии PlantGen School с 2021 по 2024 год включительно прошло 4 школы молодых ученых:

- Школа молодых ученых «Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» / "Plant genetics, genomics, bioinformatics and biotechnology" • Новосибирск, 2021
- 2-я Школа молодых ученых «Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» / "Plant genetics, genomics, bioinformatics and biotechnology" • Новосибирск, 2022
- 3-я Школа молодых ученых «Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» / III Young Scientists School "Plant genetics, genomics, bioinformatics and biotechnology" • Казань, 2023
- 4-я Школа молодых ученых «Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений» / IV Young Scientists School "Plant genetics, genomics, bioinformatics and biotechnology" • Новосибирск, 2024**