

функционирование бобово-ризобияльного симбиоза. Тем не менее, исследования в данном направлении не проводятся. Нами с использованием лабораторной линии гороха SGE, было показано, что под воздействием повышенной температуры (28 °C) в клубеньках активируется аномальный тип старения, активирующийся не в базальной, а в апикальной части клубенька. В ходе данного исследования был проведен транскриптомный анализ (с использованием подхода RapidMACE, последующим выравниванием полученных прочтений на референсный геном гороха и выявлением дифференциально экспрессированных генов при помощи пакета DESeq2) клубеньков гороха линии SGE, подвергавшихся действию повышенной температуры в течение 1, 5 и 9 суток. В результате были выявлены изменения в дифференциальной экспрессии генов, связанные с действием повышенной температуры.

Работа поддержана РНФ 21-16-00117.

Молекулярно-генетическая идентификация транскрипционного фактора NAC карельской березы

Кириянов П.С.*, Баранов О.Ю.

Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь

*E-mail: PKirjanov@yandex.ru

Формирование вторичных проводящих тканей ствола лесных древесных растений является сложным процессом, в который вовлечено большое количество генов. Особенности процессов ксилогенеза у различных лесообразующих пород, включая и наследственные механизмы их детерминации, являются основой для создания хозяйственно-ценных фенотипов методами селекции и биотехнологии. В связи с этим, необходимым является комплексное генетическое изучение аномалий формирования тканей древесины лесных растений с целью поиска наследственных детерминант, определяющих нарушения процессов ксилогенеза. В ходе транскриптомного анализа камбияльных тканей карельской березы (характеризующейся узорчатостью древесины) и березы повислой (узорчатость древесины отсутствует) был идентифицирован транскрипт гена, детерминирующего транскрипционный фактор, содержащий NAC-домен (обозначен как *nac*). NAC-содержащие полипептиды играют важную роль в онтогенезе растений, включая регуляцию процессов формирования апикальной меристемы побегов, генеративных органов, боковых побегов, а также в гормональном контроле и защите от внешних неблагоприятных факторов. В условиях эксперимента, наибольшая экспрессионная активность гена *nac* была отмечена в узорчатых частях карельской березы, и заметно снижалась в безузорчатых участках ствола карельской березы и березе повислой (в 20 раз). Полученные результаты будут использованы для изучения механизмов формирования узорчатости древесины, диагностики хозяйственно-ценных генотипов карельской березы на ранних этапах онтогенеза, а также проведения селекционных мероприятий по данному признаку.

***Rhamnus cathartica* как перспективный источник каротиноидов**

Новикова А.С.^Б, Спиридович Е.В.^А, Агабалаева Е.Д.^А, Деева А.М.^{А*},

Решетников В.Н.^А

^АЦентральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск, Беларусь

^ББелорусский государственный университет, Минск, Беларусь

*E-mail: alladzeeva@gmail.com

Жостер слабительный (*Rhamnus cathartica*) – кустарник семейства крушиновые (Rhamnaceae), насчитывающий в мире от 100 до 125 видов. В условиях ухудшения экологической обстановки применение растительного сырья в качестве источника биологически активных соединений приобретает все большую популярность. В последние годы возрос научный интерес к исследованию каротиноидов в продуктах

растительного происхождения, что связано в первую очередь с их антиоксидантными свойствами. Количественный и качественный состав каротиноидов может зависеть от вида растительного сырья, региона его произрастания и фазы вегетационного периода. Целью нашего исследования был анализ содержания каротиноидов в коре жостера слабительного, собранного в осенний период 2020 года в разных областях республики. Суммарное количество каротиноидов определяли прямой спектрофотометрией с предварительным экстрагированием каротиноидов гексаном. По результатам анализа содержание исследуемых пигментов в анализируемых образцах колебалось в пределах от 8,8мг% до 18,9мг%. Согласно данным Фармакопеи РБ кора *R. cathartica* традиционно рассматривается как источник глюкофрангулинов. Наши исследования показывают, что данный вид растительного сырья может служить перспективным источником каротиноидов, т.к. нормы физиологических потребностей в минеральных веществах и витаминах для мужчин и женщин 18–59 лет в Беларуси предусматривают количество каротиноидов 5 мг в сут.

Исследование белка *EsCSDP3* растения-экстремофита *Eutrema salsugineum* (Pall.)

Шамустакимова А.О.^{А,Б*}

^АФедеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии им. В.Р. Вильямса ФНЦ «ВИК им. В.Р. Вильямса», лаборатория молекулярно-генетических исследований кормовых культур, Лобня, Россия

^БФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», лаборатория стрессоустойчивости растений, Москва, Россия

*E-mail: nastja_sham@mail.ru

Белки с доменом холодового шока растений – это РНК/ДНК-связывающие белки, задействованные как в процессах роста и развития, так и в адаптации к абиотическому стрессу. Они содержат в своём составе консервативный домен холодового шока на N-конце и глицин-богатые регионы с различным количеством цинковых пальцев ретровирусного типа ССНС – на С-конце. В настоящей работе нами был исследован белок с доменом холодового шока 3 растения *Eutrema salsugineum* (*EsCSDP3*). Это растение являясь экстремофитом, способно выдерживать высокие концентрации солей, воздействие пониженных температур и засуху. Установлена тканеспецифичность экспрессии гена *GUS* под контролем промотора *EsCSDP3* в растениях *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. Показано, что окрашивание наиболее интенсивно локализуется в устьицах, трихомах, пыльце и апексе побега. Применение ковалентно-связывающегося флуоресцентного красителя позволило установить ядерно-цитоплазматическую локализацию химерного белка *EsCSDP3-HaloTag* в трансгенных растениях с постоянной экспрессией. Путём соосаждения РНК-белковых комплексов на магнитных частицах и последующего анализа полученной РНК удалось приблизиться к пониманию функции этого белка в растениях до и после холодового закаливания.

Работа поддержана грантом Российского фонда фундаментальных исследований (№05-04-89005- NWO, №14-04-00816). Работа была выполнена с использованием научного оборудования Центра коллективного использования «Биотехнология» в ФГБНУ ВНИИСБ (соглашение № RFMEFI62114X0003).