

**Отчет ФГБНУ ВНИИСХМ по выполнению Государственного задания
за 2018 год**

Доп. зад. 0664-2017-0050

«С использованием секвенирования полного метагенома выявить группы функциональных генов, перспективных для мониторинга рекультивации техногенных земель».

Цель работы: использование методов метагеномики для изучения роли микробного сообщества почвы в восстановлении почвенного плодородия, нарушенного под действием техногенных факторов.

Новизна: впервые с использованием методов метагеномики выявлены функциональные группы генов, вовлеченных в контроль гликолиза/глюкогенеза, цикла трикарбоновых кислот, а также метаболизма жирных кислот, маркирующие процессы рекультивации техногенно нарушенных почв.

Образцы почв были взяты из хроносерий отвалов известняковых пород, демонстрирующих процесс спонтанного почвообразования, возрастом 2 года (59.492934, 29.762344,), 26 лет (59.491398, 29.749298), 70 лет (59.492515, 29.757843), а также нетронутый лес (59.484344, 29.717163), по 3 образца в каждой точке.

Из почв была выделена тотальная ДНК, однако, в пробах, относящихся к самой молодой точке (2 года), выделить ДНК в количествах, необходимых для секвенирования полного метагенома, не удалось. Все остальные образцы были успешно секвенированы на Illumina MiSeq.

По одному образцу из каждой группы было проанализировано с помощью MG-RAST. Образец Yelizavetino_1 (лес) содержал 919680 последовательностей общей длиной в 297,5 млн.п.н. со средней длиной в 323 п.н. Среди 14175 последовательностей (1,54%), не прошедших

контроль качества, 549 были идентифицированы как искусственно дублированные риды. Среди прошедших контроль качества последовательностей 654 последовательности (<1%) содержат гены рРНК, 458222 последовательности (50,60%) кодируют белки с известными функциями и 446629 последовательностей (49,32%) кодируют белки с неизвестными функциями.

Образец Yelizavetino_13 (70 лет) содержал 1030151 последовательностей общей длиной в 329,4 млн.п.н. со средней длиной в 320 п.н. Среди 16262 последовательностей (1,58%), не прошедших контроль качества, 577 были идентифицированы как искусственно дублированные риды. Среди прошедших контроль качества последовательностей 1064 последовательности (<1%) содержат гены рРНК, 520228 последовательностей (51,31%) кодируют белки с известными функциями и 492597 последовательностей (48,58%) кодируют белки с неизвестными функциями.

Образец Yelizavetino_7 (26 лет) содержал 936496 последовательностей общей длиной в 302,7 млн.п.н. со средней длиной в 323 п.н. Среди 14570 последовательностей (1,56%), не прошедших контроль качества, 417 были идентифицированы как искусственно дублированные риды. Среди прошедших контроль качества последовательностей 939 последовательностей (<1%) содержат гены рРНК, 480007 последовательностей (52,07%) кодируют белки с известными функциями и 440980 последовательностей (47,83%) кодируют белки с неизвестными функциями.

Последовательности были проанализированы по их принадлежности к базе данных RefSeq, содержащей хорошо аннотированные невырожденные последовательности ДНК, транскриптов и белков. В анализ были включены последовательности, имеющие минимальное сходство с референсными в 60% и

представленными не менее чем в 5 копиях. Было обнаружено, что образцы практически не различаются между собой по таксономическому составу и содержат 98% бактериальных последовательностей (из них около 50% принадлежит к филе Proteobacteria), около 1% эукариотических последовательностей, менее 1% архейных и не более 0,05% вирусных последовательностей (рис. 1).

Также последовательности были проанализированы по их функциональной принадлежности по базе данных COG (Clusters of Orthologous Groups) (рис. 2). Так же в анализ были включены только те последовательности, которые имели не менее 60% сходства с референсными и были представлены в 5 и более копиях. Значительных различий в функциональной структуре метабеномов почв, маркирующих различные стадии почвообразования, также не было обнаружено, так как анализировали на этом этапе лишь главные группы функциональных генов. Мажорными группами, помимо белков с предсказанными общими функциями (14%), оказались метаболизм и транспорт аминокислот (11%), производство и преобразование энергии (10%) и транспорт и метаболизм углеводов (8%).

Глубина секвенирования оказалась достаточной для выявления различий в мажорных компонентах метабенома. Для функционального анализа по базе данных KO (KEGG Ontology) мы взяли 2 образца, наиболее контрастно различающиеся между собой (лес и 26 лет). Также анализировали последовательности с не менее 60% сходства с референсом и имеющие не менее 5 копий. В основных метаболических путях были обнаружены следующие маркеры почвообразования, присутствующие в образце из леса и отсутствующие в (26 лет): D-глюкозо-6-фосфат 1-эпимераза (5 копий, гликолиз/глюконеогенез), АТФ-цитрат синтаза (9 копий, цикл трикарбоновых кислот), сукцинат дегидрогеназа (6 копий, цикл трикарбоновых кислот), фенилаланин

аммоний-лиаза (5 копий, метаболизм азота), фермент с тремя функциями еноил-КоА гидратаза / 3-гидроксиацил-КоА дегидрогеназа / 3,2-транс-еноил-КоА изомераза (5 копий, метаболизм жирных кислот), ацетил-КоА ацилтрансфераза 2 (6 копий, метаболизм жирных кислот).

В результате исследований показано, что полученные данные, даже на уровне мажорных компонентов, позволяют выявить ряд метагеномных функциональных маркеров, связанных с почвообразовательных процессов.

Тема № 0664-2018-0023

«Провести верификацию биоинформационных и статистических методов для диагностики бактериозов, почвоутомления и мониторинга почв в условиях экологически устойчивого агропроизводства»

Цель работы: разработать метагеномные методы, позволяющие изучать вариации в почвенном микробиоме, ассоциированные с почвенным плодородием, для подбора оптимального режима использования земель с-х назначения.

Новизна: Впервые в условиях экологически устойчивого агропроизводства дан комплексный анализ изменений почвенного микробиома в севообороте, с применением и без применения минеральных и органических удобрений, а также микробных препаратов. Показано, что фактически любой агротехнический прием сопровождается заметным и статистически достоверным изменением структуры микробных сообществ, что в перспективе может быть использовано для создания новых технологий управления почвенным плодородием.

В ходе выполнения задания была проведена верификация имеющихся в лаборатории биоинформатических подходов (расчет биоразнообразия микробных сообществ с использованием ПО «QIIME»)

на примере контрастных биогеоценозов – леса, поймы (Noz'ma), залежи (Z) и агробиоценоза, а также различных вариантов использования сельскохозяйственных угодий (экспериментальные поля Вологодской государственной молочнохозяйственной академии).

Для осуществления работы были отобраны почвенные образцы из хвойного леса (Coniferous), насаждений кедра (cedar – A, B), полей в севообороте под посевами ячменя (Barley/Clover), пшеницы (Wheat) и вико-овсянниковой смеси (Vetch/Oat), куда вносили минеральные удобрения (NPK), органические удобрения (Manure) и органо-минеральную смесь (OMF). Также вносились биопрепараты (bisolbifit) и проводилось известкование (lime) полей. В библиотеке присутствовали также контрольный образец почвы (control), а также образец черного пара (Fallow).

Из всех почвенных образцов была проведена экстракция и очистка почвенной ДНК. После чего с использованием универсальных праймеров были сконструированы библиотеки гена 16S рРНК для каждого образца и проведено их секвенирование с использованием прибора Illumina MiSeq.

Библиотеки обрабатывались с использованием ПО «QIIME». Для каждого образца проводили проверку качества полученных нуклеотидных последовательностей, включающую в себя удаление служебных последовательностей, объединение парноконцевых чтений, удаление химерных последовательностей, последовательностей митохондрий и хлоропластов эукариотических клеток. После процедуры проверки общее число последовательностей составило 2 445 684, в среднем 16 607 последовательности на образец.

Последовательности объединялись в группы (ОТЕ – операционные таксономические единицы) с использованием стандартного критерия сходства 97% (родовой и видовой уровень таксономической

идентификации). Идентификация последовательностей осуществлялась с использованием базы данных Silva (<https://www.arb-silva.de/>). Были рассчитаны параметры альфа (общее число ОТЕ, индекс филогенетического разнообразия Фейта) и бета (расчет матриц дистанций с использованием алгоритмов weighted и unweighted unifrac) разнообразия.

Анализ кривых разрежения продемонстрировал общий уровень биоразнообразия (динамику накопления различных ОТЕ в сообществах). Наименьшими уровнями разнообразия характеризуются микробные сообщества сформированные в почвах кедровых и хвойных лесов. Они обладают более низкими значениями индексов альфаразнообразия чем образцы черного пара.

Наибольшим разнообразием микробных сообществ характеризовались образцы почвы под посевами сельскохозяйственных культур и пойменные почвы. При этом использование разнообразных сельскохозяйственных приемов приводит к значительному и достоверному увеличению биоразнообразия почвенных бактерий и архей.

Тенденции обнаруженные при анализе параметров альфа-разнообразия наблюдаются и при рассмотрении графиков бета-разнообразия, на которых сообщества лесных массивов формируют четко обособленную группу.

Интересно, что наиболее плотные и обособленные кластеры формируют сообщества, сформированные в результате воздействия только органических (навоз) или только минеральных (NPK) удобрений. Однако при совмещении этих техник (Manure+NPK) микробное сообщество существенно меняется и имеет гораздо менее выраженное сходство с упомянутыми сообществами, взятыми по отдельности. При использовании техник совместного использования органических и

минеральных удобрений микробное сообщество приближается по своей структуре к сообществам залежной почвы.

При анализе таксономической структуры почвенного микробиома были выявлены как типичные представители почвенной микробиоты, в частности бактерии из рода *Bacillus*, бактерии из порядка *Rhizobiales*, так и недавно описанные ранее некультивируемые виды актинобактерий (р. *Gaiella*), ацидобактерий (RB41), а также архей из порядка *Nitrososphaerales*, которые доминировали в составе микробных сообществ. Для ряда образцов наблюдалось выраженное доминирование бактерий из рода *Candidatus Udaeobacter*, относящихся к филе *Verrucomicrobia*.

Микробиомы почв под кедровыми насаждениями имели выраженные отличия в составе таксонов, в частности в данных образцах наблюдалось повышенное содержание бактерий из р. *Pseudolabrys* и р. *Acidothermus*. Данные бактерии относятся к пор. *Rhizobiales* и *Frankiales*, экологические предпочтения которых часто связаны с ризосферой растений.

Таким образом, при сопоставлении таксономической структуры микробиомов почв в севооборотах с применением различных удобрений было продемонстрировано, что любые агротехнические приемы приводят к заметным изменениям структуры микробных сообществ почвы, что дает возможность создания универсальных подходов для анализа агроэкологического состояния почв по данным метагеномного анализа.

Тема № 0664-2018-0023

«Изучить биохимические характеристики новообразованных (подвижных) гумусовых соединений в связи с составом микробного сообщества почвы, формирующегося при разложении пожнивных остатков».

Цель работы: выявление компонентов почвенных микробных сообществ, играющих ключевую роль в процессах гумусообразования.

Новизна: впервые выявлены компоненты почвенного микробиома, формирующегося при разложении пожнивных остатков, численность которых проявляет высокую положительную (бактерии семейств *Mycobacteriaceae*, *Solirubrobacteraceae*, *Paenibacillaceae*, *Caulobacteraceae*, *Haliangiaceae*, *Chthoniobacteraceae*, и грибы семейств *Helotiaceae*, *Nectriaceae*, *Saccharomycetales*), либо отрицательную (бактерии семейств *Acidobacteriaceae*, *Micromonosporaceae*, *Cytophagaceae*, *Planctomycetaceae*, *Xanthomonadaceae* и грибы *Piskurozymaceae*, *Hypocreaceae*) связь с количеством новообразованных гумусовых веществ. Показано, что биохимические характеристики новообразованных гумусовых веществ, в частности их количество, содержание азота и доступность для микроорганизмов зависят от состава микробного сообщества.

Впервые показано наличие различий состава микробного сообщества при длительном разложении растительных остатков в зависимости, как от исходного микробоценоза (введение биопрепаратов в опыте с разложением соломы овса), так и от вида разлагаемого сырья (опыт по компостированию с торфом (БАГС) соломы, бумаги). В компосте БАГС+бумага наблюдали более высокое количество новообразованных гумусовых соединений в пирофосфатной и щелочной вытяжках, чем в других вариантах опыта (БАГС и БАГС+солома).

Объекты и методы исследований. Наличие связи биохимических характеристик новообразованных ГВ и состава микробного сообщества, ведущего разложение растительных остатков, изучали в двух экспериментах. В лабораторном опыте, поставленном с внесением на поверхность почвы (чернозем, $C_{\text{общ.}} 4,48 \pm 0,06\%$, $N_{\text{общ.}} 0,394 \pm 0,002\%$, $pH_{\text{вод.}} 6,31 \pm 0,01$) измельченной соломы овса (C:N 81,2) и обработкой биопрепаратами (БАГС и ЦА – целлюлозолитическая ассоциация) и при

получении маточной культуры БАГС на разных субстратах (компостирование торфа с бумагой, соломой овса). В последний срок из соломы и торфокомпоста (1 год) были выделены подвижные гумусовые вещества и определен состав микробного сообщества.

Сырой экстракт ДНК очищали от гуминовых кислот с использованием сорбции на оксиде кремния (Андронов и др., 2011). Выделенные препараты тотальной ДНК использовались в качестве матрицы в ПЦР для амплификации участка гена 16S рРНК. Для получения библиотеки гена 16S-рРНК бактерий использовали пару праймеров fBD1/rBD1: 642f 5'-НААТНУГТGCCAGCAGC-3', 1445r 5'-GTCRTCCYDCCTCCTC-3'. Реакцию проводили в автоматическом амплификаторе Thermal Cycler T100 (Bio-Rad, США) в следующем режиме: начальная денатурация при 95 °С – 3 мин., 32 цикла, 94 °С – 30 с, 55 °С – 30 с, 72 °С – 1 мин, завершающий синтез – 72 °С – 5 мин. (Коростик и др., 2006).

Количество углерода новообразованных (подвижных) ГВ определяли в 0,1 н пиродифосфатной вытяжке (рН 10) и в 0,1 NaOH вытяжке, оценивали светопоглощение и зрелость гумусовых веществ, соотношение C:N, количество гуминовых кислот. В лабораторном опыте оценивали фактическую доступность для микроорганизмов простерилизованной пиродифосфатной вытяжки (рН доводили до 7,0) путем инокуляции ее микробным комплексом соответствующего варианта опыта и последующем культивировании при комнатной температуре (20-25 °С) в течение 28 суток в стационарных аэробных условиях (на качалке).

Обсуждение экспериментальных данных и результаты научных исследований. В обоих опытах при длительном разложении растительных остатков по вариантам наблюдали существенные различия по составу микробного сообщества, которые видны на крупных таксонах,

таких как *Acidobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Planctomycetes*, *Deltaproteobacteria* и *Gammaproteobacteria*. При анализе данных таксономического состава по методу главных компонент все повторности каждого варианта в соответствующих опытах занимают не пересекающиеся и достаточно далеко расположенные области. Следовательно, состав микробного сообщества зависел от начального микробоценоза, изменяемого внесением биопрепаратов, при исходном одинаковом материале и одинаковых условиях эксперимента (опыт с соломой). С другой стороны, использование разных растительных остатков (приготовление торфокомпоста БАГС с соломой или бумагой), также, даже через год компостирования обеспечивало различия в составе микробного сообщества. Показано, что при разложении соломы вариант БАГС характеризуется наибольшим разнообразием: присутствует 474 рода, против 402 и 397 для контроля и ЦА соответственно. Интересно, что различия в биоразнообразии больше для минорных таксонов. Так, число родов практически одинаково во всех вариантах для актинобактерий, фирмикут и дельтапротеобактерий (мажорные таксоны), тогда как, например, в филе *Chloroflexi* в контроле и ЦА количество родов в два раза ниже, чем для варианта БАГС.

Исследованные органические субстраты (полуразложившаяся солома и торфокомпост с бумагой и соломой) близкие по содержанию общего углерода, существенно различались по качеству органического вещества: торфокомпост характеризуется меньшим содержанием азота и подвижных ГВ, однако большей их зрелостью (коэффициент Емг/мл). В новообразованных гумусовых веществах содержится больше азота, чем в общем органическом веществе. Из более узкого соотношения С:N в ГВ пиродифосфатной вытяжки, выделенных из торфа (4,2-5,0), по сравнению с выделенными из соломы (6-7), не следовало большей их доступности для микроорганизмов. Количество доступного углерода в

пирофосфатной вытяжке существенно колебалось по вариантам и составляло для соломы в % от исходного углерода от 7,4 до 27,9%, для торфа – 11,3-16,0%. Ожидается, что при расчете к общему углероду субстрата процент доступного углерода для соломы был выше чем для торфокомпоста и составлял соответственно 2,2-7,7% и 0,55-0,72%. Доступность для микроорганизмов новообразованных гуминовых кислот пирофосфатной вытяжки колебалась от 22,6 до 79,8%. Увеличение количества новообразованных гумусовых соединений в варианте БАГС+бумага, вероятно, связано с меньшей доступностью органического углерода пирофосфатной вытяжки для микроорганизмов: 44,8 мг С/л против 56,2-59,5 для контроля и соломы, либо менее интенсивным синтезом гумусовых веществ при компостировании бумаги. Наиболее доступными подвижные (новообразованные) гумусовые вещества, образовавшиеся при разложении соломы овса, были в варианте БАГС. Возможно, поэтому в данном варианте ранее было ниже содержание всех подвижных органических соединений.

Результаты корреляционного анализа биохимических характеристик подвижных гумусовых соединений и состава микробного сообщества показали наличие тесной положительной или отрицательной связи показателей со многими таксонами микроорганизмов. Выделить небольшое число фил в качестве универсальных индикаторов не представляется возможным. Отсутствие тесной корреляции показателей, в частности содержания подвижных ГВ, у ряда крупных фил, может быть связано с наличием разнонаправленных связей с этим показателем внутри таксона. Например, коэффициент корреляции содержания доступного углерода и *Actinobacteria* (для соломы) равен -0,155, а для разных семейств этой филы он составляет: -0,964 для *Microbacteriaceae*, +0,953 для *Micromonosporaceae* и -0,244 для *Micrococcaceae* и т.д. Показано, что с содержанием подвижных (новообразованных) гумусовых веществ,

образованных при разложении соломы, имели тесную корреляцию микроорганизмы семейств *Micromonosporaceae*, *Mycobacteriaceae*, *Solirubrobacteraceae*, *Cytophagaceae*, *Paenibacillaceae*, *Planctomycetaceae*, *Caulobacteraceae*, *Haliangiaceae*, *Chthoniobacteraceae*, *Xanthomonadaceae*. Количество же доступного углерода было тесно связано с *Microbacteriaceae*, *Micromonosporaceae*, *Nocardiaceae*, *Cytophagaceae*, *Sphingobacteriales*, *Pirellulaceae*, *Planctomycetaceae*, *Hyphomonadaceae*, *Chthoniobacteraceae*, *Enterobacteriaceae*, *Piscirickettsiaceae*. Для торфокомпостов можно отметить, что бактериальное и грибное сообщества имеют связи с разными показателями. Для бактерий больше тесных связей (r 0,9-1,0) с содержанием общего углерода, подвижного суммарного углерода и гуминовых кислот щелочной вытяжки, а также доступностью новообразованных ГВ. Для грибного сообщества более тесными были корреляционные связи с общим азотом и C:N, азотом в пирофосфатной вытяжке. Вышесказанное не означает, что грибы не имеют тесной корреляции, например, с доступностью новообразованных ГВ, и что только, бактерии по сравнению с грибами имеют такие связи. В качестве примера связи доступности углерода и грибов можно привести семейства *Helotiaceae* и *Orbiliaceae* с r соответственно -0,974-(-0,977) и 0,998-0,999. Для торфокомпостов бактериальное сообщество характеризуется формированием комплексов фил, которые имеют тесные либо отрицательные, либо положительные связи с группой биохимических показателей.

В результате научных исследований выявлены компоненты почвенных микробных сообществ, проявляющие высокую положительную либо отрицательную связь с количеством и качеством новообразованных при микробиологической трансформации растительных остатков гумусовых веществ.

Тема №0664-2015-0009

«Изучить экохимические механизмы интеграции компонентов растительно-микробной системы (растение – биоконтрольная ризобактерия – фитопатогенный гриб), приводящей к повышению устойчивости растений к фузариозу»

Исследования были направлены на изучение взаимоотношений между растением, фитопатогенным грибом и антагонистической бактерией на самых ранних этапах формирования этой системы. Был изучен основной механизм, лежащий в основе взаимоотношений всех компонентов системы, а именно, конкуренция за питание.

Цель: изучить функциональные (трофические, регуляторные) связи между микроорганизмами ризосферы и растением, определяющие эффективность биоконтроля фитопатогенных грибов бактериями.

Новизна: Впервые показано, что увеличение биоконтрольной активности антагонистической бактерии *Pseudomonas fluorescens* по отношению к факультативному фитопатогенному грибу *Fusarium culmorum* сопровождалось снижением количества глюкозы и аминокислот, но увеличением количества ингибиторов в растворе экссудатов ячменя, колонизированного совместно антагонистом и патогеном.

Задачи исследований: 1. Определить роль растения во взаимоотношениях между фитопатогеном и его антагонистом. Корневые экссудаты растения рассматривались как источник питания, способный оказать влияние на рост микроорганизмов и характер взаимоотношений между ними. 2. Оценить влияние фитопатогена и антагониста, колонизирующих корни, на растение и продукцию им экзометаболитов. Особое внимание было уделено не только сахарам, оргкислотам и аминокислотам корневых экссудатов, являющихся основным источником питания, но и антимикробным веществам.

Объектами исследования были факультативный фитопатогенный гриб *Fusarium culmorum*, поражающий значительный набор культур, но особенно вредоносный на зерновых, вследствие существенного снижения урожая и загрязнения зерна микотоксинами. Антагонистическая бактерия *Pseudomonas fluorescens*, использование которой приводило к существенному снижению заболеваемости ячменя фузариозами, вызываемыми *F. culmorum*. Хозяйским растением являлся ячмень сорта Белогорский, восприимчивый к фузариозам.

Для оценки влияния растения на рост гриба и бактерии и выявления компонентов, необходимых для роста микроорганизмов, стерильные растения ячменя выращивали в деионизированной воде. Растения удаляли, а в растворы экссудатов вносили суспензии макроконидий гриба, клеток бактерии и совместно клетки гриба и бактерии. После пятисуточной инкубации по израсходованным компонентам судили о пищевых потребностях гриба и бактерии при их отдельном и совместном выращивании. Характер взаимоотношений между фитопатогеном и антагонистом оценивали по количеству клеток гриба и бактерии в растворах экссудатов методом посева.

Влияние патогена и антагониста на растение изучили в двух разных экспериментах в условиях, имитирующих наличие доступного питания в окружающей среде и его отсутствие. В обоих экспериментах стерильный ячмень выращивали в вермикулите, который инокулировали клетками гриба и бактерии по-отдельности и совместно. Через 36 часов, когда гриб и бактерия уже колонизировали корни, растения аккуратно извлекали и переносили в другие стерильные емкости, содержащие в одном эксперименте раствор питательных элементов, в другом – деионизированную воду (условия голодания). Стерильные растения и заселенные микроорганизмами инкубировали в питательном растворе и в воде 4 и 6 суток для сбора корневых экссудатов.

Во всех экспериментах контролем служили стерильные растения ячменя и их экссудаты. Повторность в разных экспериментах была 3-6 сосудов на вариант, в каждом сосуде выращивали не менее 10 растений. В собранных растворах экссудатов оценивали состав сахаров, органических кислот, аминокислот и антимикробных компонентов с использованием системы ультра-производительной жидкостной хроматографии (UPLC). Этим же методом учитывали состав метаболитов гриба и бактерии при их росте в воде и в питательном растворе, а также способность гриба и бактерии разлагать антимикробные вещества экссудатов. Влияние ингибиторов на патоген учитывали по изменению диаметра колоний, наличию воздушного мицелия и количеству сформированных макроконидий при выращивании гриба на питательной среде с каждым из ингибиторов и их смесью; рост бактерии оценивали на спектрофотометре при OD_{600} . Количество гриба и бактерии в растворах экссудатов и корнях во всех экспериментах оценивали посевом. Интенсивность болезни учитывали по количеству растений с симптомами гнили.

Результатами первого эксперимента было установлено, что гриб и бактерия утилизируют, в основном, сходный набор веществ, однако, были выявлены и их трофические предпочтения. Из всех сахаров, содержащихся в экссудатах, гриб и бактерия предпочитали глюкозу, однако, гриб утилизировал глюкозу активнее, чем бактерия. Органические кислоты и аминокислоты, напротив, были активнее использованы бактерией, нежели грибом. Было установлено, что корневые экссудаты, являясь единственным источником питания, приводят к конкурентным взаимоотношениям между грибом и бактерией. Анализ остаточных количеств сахаров, органических кислот и аминокислот в растворе экссудатов, показал, что гриб и бактерия конкурировали между собой за источник азота.

В составе корневых экссудатов ячменя были выявлены семь фенолоксикислот (антимикробных веществ). Оценка роста гриба на среде с ингибиторами показала, что к 4 суткам смесь антимикробных веществ и 4-гидроксифенилуксусная кислота стимулировали рост грибного мицелия. Однако к 8 суткам все выявленные фенолоксикислоты и их смесь ингибировали рост воздушного мицелия и формирование макроконидий гриба. Рост бактерии ингибировала только циннамовая кислота. Было установлено, что бактерия разлагала больший набор антимикробных веществ, чем гриб.

Было установлено, что условия окружающей среды (наличие-отсутствие дополнительного питания в растворе) оказали существенное влияние на количественный состав низкомолекулярных компонентов корневых экзометаболитов ячменя; количество патогена и антагониста в корнях; заболеваемость ячменя фузариозной гнилью.

В условиях голодания растения выделяли значительные количества органических кислот, сахаров и аминокислот, очевидно, восполняя отсутствие питательных элементов в растворе. Однако, в условиях голодания увеличилось и количество ингибиторов в экссудатах, при этом доминировала 4-гидроксифенилуксусная кислота. В экссудатах ячменя, колонизированного только бактерией и совместно грибом и бактерией, значительно увеличилось количество глюкозы, но снизилось количество ингибиторов.

В условиях голодания заболеваемость растений, вызываемая грибом, была незначительной и составляла 13.7 %, в присутствии бактерии количество больных растений снижалось до 10%. При этом количество патогена в корнях в присутствии бактерии увеличилось значительно к 4-м суткам, но существенно снизилось к 6 суткам, как в присутствии бактерии, так и без нее. В этих же условиях голодания количество бактерии в корнях в присутствии патогена снижалось

существенно, возможно, в этот период гриб подавлял рост бактериального штамма в корнях. Известно, что присутствие глюкозы подавляет антифунгальную активность используемого нами штамма *P. fluorescens*.

Наличие дополнительного питания в растворе экссудатов привело к увеличению количества гриба и бактерии в корнях. Однако, в экссудатах стерильных растений и колонизированных грибом и бактерией существенно снизилось, особенно к 4-м суткам, количество сахаров, оргкислот и аминокислот, по сравнению с условиями голодания. Из ингибиторов доминировала бензойная кислота, которая не подавляла рост бактерии, но замедляла формирование макроконидий у гриба. В экссудатах ячменя, колонизированного совместно грибом и бактерией, отсутствовала глюкоза, но существенно увеличилось, по сравнению с экссудатами из других вариантов, количество ингибиторов.

В условиях дополнительного питания заболеваемость ячменя гнилью, вызванная *F. culmorum*, была значительной – 70%, присутствие бактерии снизило количество больных растений до 37%. Увеличение количества гриба и бактерии в корнях при их совместном внесении привело к существенному снижению количества сахаров и почти полному отсутствию большинства аминокислот в растворе экссудатов. Вполне возможно, что именно дефицит аминокислот (как это мы наблюдали в эксперименте 1) послужил поводом к конкуренции за элементы питания между грибом и бактерией в корнях ячменя. При этом к 4-м суткам количество бактерии в корнях, колонизированных обоими микроорганизмами, существенно увеличилось. В данном случае бактерия получила количественное преимущество, по сравнению с грибом, видимо, отсутствие глюкозы в экссудатах не повлияло на ее антифунгальную активность. Тогда как увеличение количества ингибиторов в растворе

экссудатов ячменя, колонизированного совместно грибом и бактерией, могло снизить его устойчивость к воздействию бактерии.

Тема (№ 0664-2015-0010)

"Изучить везикулярный транспорт в клетках азотфиксирующих клубеньков гороха при их инфицировании ризобиями".

Цель работы – изучение молекулярно-генетических и цитологических основ везикулярного транспорта в клетках симбиотических клубеньков гороха, определяющего развитие внутриклеточного симбиоза.

Новизна: впервые показана роль везикулярного транспорта в доставке к симбиосомам ряда фитогормонов (гиббереллинов, цитокининов) и глутатиона в клубеньках гороха. Впервые показан усиленный везикулярный транспорт мембранного материала к гипертрофированным инфекционным каплям у мутанта гороха по гену *sym40* и аномальная секреция транс-зеатин рибозида в вакуоль у мутанта по гену *sym33*, вероятно, приводящая к снижению уровня этого фитогормона в клубеньках мутанта. Впервые выявлено влияние LysM-содержащей рецептор-подобной киназы (LysM-РПК) K1 гороха на уровни экспрессии генов везикулярного транспорта *PsVAMP721e* и *PsSYP132*.

Методы исследований

Основным объектом исследования являлся горох посевной *Pisum sativum* L. линии дикого типа линии SGE и соответствующие мутанты SGEFix⁻2 (*sym33*), SGEFix⁻3 (*sym26*), SGEFix⁻6 (*sym40*), блокированные на различных стадиях развития клубенька, а также растения гороха сорта Sameog и мутантной линии *κ1-2*. Для заражения растений были использованы штаммы *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae* RCAM 1026 и 3841.

Для проведения иммуноцитохимического анализа клубеньки линии дикого типа SGE и мутантов SGEFix⁻² (*sym33*), SGEFix⁻³ (*sym26*), SGEFix⁻⁶ (*sym40*) после сбора были зафиксированы в 2,5%-ный водный раствор глутаральдегида на 0,05 М какодилатном буфере (pH 7,2). В дальнейшем клубеньки подвергали низкотемпературной заливке в акриловые смолы. Иммуноцитохимический анализ был проведен с использованием первичных антител к гибберелловой кислоте, транс-зеатину рибозида, глутатиона и вторичных антител, меченых коллоидным золотом, с применением методов трансмиссионной электронной микроскопии. материал – корни и клубеньков гороха сорта Sameog и мутантной линии *κ1-2* на разных сроках после инокуляции ризобиями. Из данного материала была выделена тотальная РНК с использованием реагента Trizol (Invitrogen, США). Полученную РНК использовали для синтеза комплементарной ДНК, с помощью которой проводили количественную ПЦР, совмещенную с обратной транскрипцией (ОТ-ПЦР).

Результаты

Был проведен иммуноцитохимический анализ везикулярного транспорта в клубеньках гороха дикого типа SGE. В результате было показано, что везикулы активно участвуют в высвобождении бактерий из инфекционных капель, доставляя к плазматической мембране мембранный материал. Было показано, что везикулярный транспорт задействован в доставке к симбиосомам фитогормонов: гибберелловой кислоты, транс-зеатина рибозида. Также везикулярный транспорт участвует в поддержании окислительно-восстановительного пот

Для оценки уровня экспрессии генов-маркеров экзоцитоза был собран энциала в симбиосомах, обеспечивая доставку к ним глутатиона. У мутанта SGEFix⁻⁶ (*sym40*) наблюдалось увеличенное количество везикул, доставляющих мембранный материал к гипертрофированным

инфекционным каплям, свойственных этому мутанту. У мутанта SGEFix⁻² (*sym33*) везикулярный транспорт был вовлечен в аномальную секрецию транс-зеатин рибозида в вакуоль, что хорошо соотносится с ранее полученными данными о сниженном уровне этого фитогормона в клубеньках мутанта. У мутанта SGEFix⁻³ (*sym26*), характеризующегося морфологически дифференцированными бактериоидами, претерпевающими быструю деградацию, наблюдались везикулы, доставляющие глутатион к симбиосомам, сходно с диким типом.

В качестве модели для изучения везикулярного транспорта в клетках азотфиксирующих клубеньков гороха была использована мутантная линия *κ1-2*, у которой отсутствует выход бактерий из инфекционных нитей. Анализ изменения уровней экспрессии генов, кодирующих регуляторы везикулярного транспорта при развитии симбиоза, показал, что уже на раннем этапе (2-й день после инокуляции ризобиями) у мутанта *κ1-2* происходит снижение уровня экспрессии гена *VAMP721e* (v-SNARE белок) в 5 раз по сравнению с растениями дикого типа св. *Sameor*. Кроме того, у мутантной линии *κ1-2* в отличие от растений дикого типа не происходила активация гена *PsSYP132* (t-SNARE) на 14-й день после инокуляции. Полученные данные свидетельствуют о влиянии LysM-РПК K1 на работу регуляторов везикулярного транспорта – v-SNARE и t-SNARE белков. Изменения в уровне экспрессии этих генов, вероятно, нарушают процесс развития симбиосом у мутанта *κ1-2*.

Таким образом, везикулярный транспорт играет важную роль в развитии симбиотического клубенька. Показано, что он задействован в доставке к симбиосомам фитогормонов: гибберелловой кислоты, транс-зеатина рибозида, а также поддержании окислительно-восстановительного потенциала в симбиосомах, обеспечивая доставку к

ним глутатиона. Выявлена ключевая роль гена гороха *K1* в контроле регуляторов везикулярного транспорта – v-SNARE и t-SNARE белков.

Тема (№ 0664-2018-0025)

“Определение условий и разработка технологии сохранения симбиотически-активных бактерий на поверхности семян, обработанных биопрепаратами, с целью образования эффективного симбиоза в полевых условиях”

Цель работы: разработка методов эффективного совмещения токсичных фунгицидных протравителей семян и их инокуляции клубеньковыми бактериями путем использования водорастворимых полимеров.

Токсичность протравителей для бактерий определялась путем построения кривых изменения числа жизнеспособных ризобий в совместных с протравителями баковых растворах, а также на протравленных семенах. Определить возможность повышения устойчивости клубеньковых бактерий к стрессовым факторам (таким как жёсткие для клубеньковых бактерий условия семенной поверхности и прямой контакт ризобий с пестицидами) путем добавления к баковому раствору различных композиций на основе ряда водорастворимых полимеров.

Новизна: впервые показано, что обработка инокулированных ризобиями семян бобовых полимерами-пленкообразователями, адъювантами, поверхностно-активными веществами и эмульгаторами (поливинил-пирролидон, его полимер-угольная композиция, карбоксиметил-целлюлоза и альгинат натрия) снижает токсическое действие на бактерии фунгицидных протравителей (Maxim, Протект, Протект Форте), повышая выживаемость бактерий 3-15 раз.

Объекты и методы исследования.

Были изучены следующие фунгицидные протравители с препаративной формой в виде смачивающихся порошков:

Фундазол СП (д.в. беномил 500 г/кг; ООО «Агро-Кеми», Россия), Беномил СП 500 (д.в. беномил 500 г/кг; ООО «СОЮЗАГРОХИМ», Россия), Бенорад СП (д.в. беномил 500 г/кг; ЗАО Фирма «Август», Россия).

Так же были изучены следующие фунгициды концентраты суспензий:

Maxim КС (д.в. флудиоксонил 25 г/л; «Syngenta International AG», Швейцария), Протект КС (д.в. флудиоксонил 25 г/л; ООО «Агро Эксперт Групп», Россия), Протект Форте ВСК (д.в. флудиоксонил 40 г/л + флутриафол 30 г/л; ООО «Агро Эксперт Групп», Россия), Синклер КС (д.в. флудиоксонил 75 г/л; ЗАО Фирма «Август», Россия), Оплот ВСК (д.в. дифеноконазол 90 г/л + тебуконазол 45 г/л; ЗАО Фирма «Август», Россия).

В качестве объектов были исследованы бактериальные суспензии ризобий сои (*Bradyrhizobium japonicum* *um.* 6346), люпина (*Rhizobium lupini* *um.* 3679, 363a, 367a), гороха (*Rhizobium leguminosarum* *um.* 1077) и чечевицы (*Rhizobium leguminosarum* *um.* 712 и 2720). Выбор видов микроорганизмов был обусловлен наибольшей практической значимостью их растительных хозяев (соя, люпин, горох, чечевица) в современной России и странах СНГ. Подбор конкретных штаммов был обусловлен тем, что на их основе производят промышленные инокулянты под коммерческим наименованием Ризоторфин®.

Бактериальные суспензии для закладки опытных вариантов готовились путем инокуляции изучаемыми штаммами полусинтетической среды с последующим ее термостатированием на качалке и месячным выдерживанием в холодильнике.

Обсуждение экспериментальных данных и результаты научных исследований.

Установлено значительное сокращение числа жизнеспособных бактерий в самом контроле, за 8 часов при комнатной температуре погибает 50-70% ризобий. По-видимому, это связано со значительным титром изначальной бактериальной суспензии – около 10 млрд. КОЕ/мл. Возможно, резкое разведение такой суспензии в 5 раз при приготовлении бакового раствора негативно сказывается на бактериях, так как столь же резко изменяется концентрация питательных элементов, осмотическое давление, т.е. значительная часть бактерий погибает в результате резких изменений физико-химических условий окружающей среды.

В опыте с ризобиями чечевицы (*R. leguminosarum um. 2720*) выявлена еще большая чувствительность бактерий к исследуемым протравителям. Из всех вариантов опыта бактерии колонии удалось получить только в вариантах с фунгицидом Фундазол и только для 4 часов выдержки баковых растворов.

Установлено, что в экспериментах с смачивающимися порошками фунгицидов на основе беномила ризобии сои можно назвать устойчивыми, а ризобии чечевицы – чувствительными.

Данные выводы дополнительно проверены на фунгицидах концентратах-суспензий (Махiм, Протект, Протект Форте).

Смешение данных протравителей с препаратами ризобий сои, люпина, гороха и чечевицы явно негативно влияло на выживаемость всех видов бактерий. Бактериальная устойчивость к пестицидам была различной и уменьшалась в следующей последовательности: ризобии сои, ризобии люпина, ризобии гороха, ризобии чечевицы. Токсичность пестицидов увеличивалась в следующем порядке: Махiм, Протект, Протект Форте.

Выживаемость ризобий в смеси с протравителями в значительной

степени зависела от температуры, при которой выдерживали смесь. Чем токсичнее для ризобий был протравитель, тем сильнее проявлялось положительное влияние низких температур на выживаемость клубеньковых бактерий. Роль температурного фактора возрастала с увеличением концентрации протравителя. Доля выживших клубеньковых бактерий сои в смеси с 10 % раствором фунгицида Maxim спустя 8 ч после смешения при 2-5 и 16-18 °С составляла соответственно 72,02 и 68,88 %. В то же время для 20 % раствора фунгицида получили значения 65,73 и 31,12 %. Выявленная закономерность оказалась справедлива для каждой исследованной пары биопрепарат—протравитель.

Токсичность фунгицида Протект для ризобий сои и люпина оказалась сопоставима с токсичностью препарата Протект Форте, несмотря на то, что у последнего концентрация флудиоксонала практически в 2 раза больше, а также присутствует второе действующее вещество — флутриафол.

Установлено, что клубеньковые бактерии рода *Bradyrhizobium* устойчивее к воздействию химических фунгицидов, чем бактерии рода *Rhizobium*, что, вероятно, обусловлено скоростью метаболических процессов данных бактерий.

Изучено влияние поливинилпирролидона на выживаемость ризобий люпина двух штаммов (*R. lupini* *um.* 363a, 367a). В контрольном варианте число колониеобразующих бактерий *R. lupini* *um.* 363a на инокулированных семенах падает от 95000 (рассчитанное через титр инокулянта максимально-возможное количество бактерий на 1 семени) практически до 0 за первые сутки после инокуляции. Установлено стремительное сокращение числа живых бактерий в первые 2 часа после инокуляции, относительно стабильный их уровень в промежутке от 2 до 8 часов после инокуляции, и последующее сокращение практически до 0 в течение следующих суток.

Установлено что, поливинилпирролидон показывает высокую эффективность в качестве полимерной основы протектора ризобий, однако его сравнительно высокая цена существенно ограничивает возможности промышленного производства протектора на его основе.

В результате проведённых исследований установлено, что среди исследованных ризобий наиболее устойчивыми к протравителям оказались клубеньковые бактерии сои (*Bradyrhizobium japonicum* 634б), наименее устойчивыми — клубеньковые бактерии чечевицы (*Rhizobium leguminosarum* 712). Внутри групп препаративных форм наблюдается следующая важная закономерность – токсичность того или иного протравителя, зачастую, определяется не видом действующего вещества и не его концентрацией в составе протравителя, а его так называемой формуляцией – т.е. качественным и количественным составом ПАВов, адгезивов, пленкообразователей, определяющих технологические свойства конкретной марки протравителя.

Нахождение ризобий в одном растворе с протравителями негативно сказывается на выживаемости бактерий: чем дольше выдерживалась смесь, тем меньше оставалось жизнеспособных ризобий. С ростом температуры смеси и концентрации протравителей в растворе их токсичность увеличивается. Низкие температуры (2-5 °С) значительно повышают выживаемость бактерий. Возможность значительного влияния формуляции протравителей, т.е. дополнительных веществ в составе, на устойчивость ризобий была показана путем обработки семян сои инокулянтами, модифицированными вариантами полимерных композиций. Повышение жизнеспособности ризобий в опытных вариантах показывает, что путем применения водорастворимых полимеров можно значительно повысить устойчивость ризобий к неблагоприятным факторам среды, таким как стрессы семенной

поверхности и прямой контакт с пестицидами. На основе подобных полимеров возможна разработка формуляции для биопрепаратов, обеспечивающая лучшую сохранность бактерий на инокулированных семенах и повышенную устойчивость бактерий к ХСЗР.

Полученные результаты использованы для разработки «**Технологии сохранения жизнеспособных и симбиотически активных бактерий на поверхности обработанных семян, обеспечивающих образование эффективного симбиоза**».

Тема (№ 0664-2018-0022)

Оценить эффективность новых штаммов клубеньковых и ассоциативных бактерий, грибов арбускулярной микоризы в различных агроэкологических условиях России, в том числе на фоне абиотических стрессов для разработки рекомендаций по эффективному использованию биопрепаратов.

Цель работы: повышение эффективности симбиоза культурных растений с бактериями и грибами путем выделения высокоэффективных штаммов, проявляющих высокую ростстимулирующую активность в различных агроэкологических регионах РФ.

Новизна: выделены новые штаммы клубеньковых бактерий сои и козлятника, ассоциативные ризобактерии, штаммы эндомикоризных грибов, выполняющих трофические и защитные функции при взаимодействии с бобовыми, зерновыми, овощными, кормовыми и техническими культурами, изучена их ростстимулирующая и фитопротекторная активность (в полевых опытах, в большинстве сельскохозяйственных регионах РФ).

Объекты и методы исследования.

Выделение новых штаммов микроорганизмов осуществлялось в 2014-2018 гг. из растительных образцов, собранных в различных регионах

России: Краснодарский край, Ростовская область, Ленинградская область, республика Казахстан из корневой зоны ячменя, пшеницы, подсолнечника, сои, нута. Выделение и культивирование чистых культур микроорганизмов осуществляли по общепринятым методикам. Оценка результатов проводилась в лабораторных, вегетационных и полевых опытах. В качестве штаммов – эталонов использовались стандартные производственные штаммы

Результаты: Оценка эффективности препаратов проводилась в различных почвенно-климатических условиях (Алтайский край, Астраханская, Калининградская, Костромская область, Красноярский край, Ленинградская, Омская, Тюменская, Ростовская, Челябинская область, Республика Адыгея).

В результате проведённой работы показано, что эффективность микробиологических препаратов в условиях абиотических стрессов увеличивается по сравнению с нормальными или близкими к нормальным условиями. Так, в засушливых условиях Алтайского края урожайность пшеницы сорта Степная волна в контрольном варианте составили 21 ц/га, обработка биологическими препаратами повысила урожайность до 34,3 ц/га. Прибавка составила 63,3% по отношению к контрольному варианту.

В условиях Астраханской области при недостатке осадков и повышенной засоленности прибавки урожая яровой пшеницы составили: сорт Боженко – 111,7%, сорт Скипер – 241,8 %, сорт Агата – 99,3%, сорт Московская 39 – 150,9 %, сорт Мисс – 71,6 %. В то же время повышение урожайности зерновых в нормальных условиях обычно находится в интервале 15-25%. В первую очередь это связано с тем, что в неблагоприятных условиях растения «мобилизуют» свои ресурсы за счёт действия микроорганизмов, которые стимулируют рост растений и подавляют стрессы у растений.

Аналогичная тенденция прослеживается и при оценке урожайности бобовых культур. Так в нормальных условиях (Ростовская область) урожайность сои сорта Вилана в контрольном варианте составила 17,4 ц/га, урожайность с инокуляцией штаммами клубеньковых бактерий составила от 20,9 до 22,4 ц/га (в зависимости от штамма и препаративной формы). Прибавка урожайности составила от 20,1 до 28,4 %. В неблагоприятных условиях Красноярского края (метеословия вегетационного периода не совпадали с критическими периодами развития культуры, что привело к низкой продуктивности сои). После посева установилась прохладная погода, среднесуточные температуры были ниже 10°C, в результате всходы появились на десять суток позднее среднемноголетней даты) урожайность сои сорта Заряница в контрольном варианте составила 4,15 ц/га, а урожайность в вариантах с инокуляцией 11,3 ц/га. Таким образом прибавка урожайности составила 172,2% относительно контрольного варианта.

Проведено представление полученной информации о симбиотической эффективности инокулятов АМ-гриба на различных культурных растениях в виде пополнения сформированной базы данных. Проведена оценка симбиотической эффективности землеудобрительных биопрепаратов ВНИИСХМ на основе гриба арбускулярной микоризы штамма RCAM00320 вида *Rhizophagus irregularis*, а также биопрепаратов на основе ассоциативных бактерий (Ризоагрин на основе *Agrobacterium radiobacter* шт. 204) и клубеньковых бактерий (Ризоторфин на основе *Rhizobium leguminosarum* bv. *viceae* шт. 260б для гороха, на основе *Rhizobium trifolii* шт. 339а и 348а для клевера; *Sinorhizobium meliloti* шт. 404б и шт. А-1 для люцерны, *Rhizobium galegae* шт. К-1 для козлятника) на ряде сельскохозяйственных культур с оценкой эффективности по свежей биомассе надземных частей. Инокулянты эффективны на культурах различных семейств. Средняя эффективность для АМ-инокулята

варьировала по массе зерна в диапазоне +14,8...+46,2% для кукурузы, козлятника восточного и люцерны изменчивой при средней эффективности всех применяемых биопрепаратов в диапазоне +2,4...+114,3%. Результаты анализа не выявили корреляционных взаимосвязей между показателями эффективности с агрохимическими показателями почвы, такими как: содержание гумуса, калия и фосфора в почве. В 68,2% случаев инокуляция приводила к существенному ($P < 0.05$) приросту веса надземных частей растений.

В результате работы расширена база данных, учитывающая конкретные условия экспериментов. Оценка эффективности биопрепаратов на важнейших с/х культурах показала их высокую эффективность в различных агроэкологических условиях. Создание базы данных позволит повысить эффективность применения биопрепаратов с учётом агроэкологических условий и биологических особенностей сельскохозяйственных культур.

Благодаря использованию препаратов урожайность культур стремиться к значениям урожайности в «нормальных» условиях. Представлена информация о симбиотической эффективности АМ-гриба на различных культурных растениях в виде формирования базы данных. Впервые проведен корреляционный анализ результатов многолетних экспериментов в рамках географической сети опытов (ГСО) с земледобрительными биопрепаратами ФГБНУ ВНИИСХМ.

По результатам проведённых исследований в качестве выходной продукции подготовлены «Рекомендации по эффективному применению биопрепаратов на основе симбиотических и ассоциативных бактерий, грибов арбускуляр-ной микоризы в регионах России на фоне абиотических стрессов».

Тема (№ 0664-2018-0027)

Изучить мозаичность структуры геномных островов и генов клубеньковых бактерий, формирующих продуктивные и стрессоустойчивые симбиотические системы».

Цель работы: выявление и характеристика элементов акцессорного генома клубеньковых бактерий, участвующих в контроле эффективного симбиоза с бобовыми растениями и перспективных для использования при селекции и конструировании хозяйственно-ценных штаммов.

Задачей отчетного года являлось получение данных о структурном полиморфизме («мозаичности») симбиотически важных генов клубеньковых бактерий люцерны и козлятника (*Sinorhizobium meliloti* и *N. galega*), перспективных для использования при селекции и конструировании хозяйственно-ценных штаммов клубеньковых бактерий.

Объектом исследования являлись 260 симбиотически активных штаммов клубеньковых бактерий люцерны (*S. meliloti*) и 11 штаммов козлятника (*Neorhizobium galegae*), выделенных в очаге разнообразия культурных растений в северном районе Большого Кавказского хребта (Северо-Кавказский генцентр, СКГ). Штаммы *S. meliloti* также были выделены в районе разнообразия люцерны в предгорье Мугоджары, Казахстан (ПАГ). Микробно-растительные симбиотические системы в указанных районах разнообразия растений-хозяев адаптированы к условиям засушливости, а в последнем – также к условиям засоления, что представляет значительный интерес для изучения генетического разнообразия пула генов микросимбионтов, вовлеченных в контроль хозяйственно-ценных признаков. Также в число проанализированных штаммов входило 17 штаммов *S. meliloti*, выделенных из агроценозов Северо-Запада РФ.

У клубеньковых бактерий *S. meliloti* проведен анализ нуклеотидного полиморфизма генов *nodA*, *nodB*, *nodC*, *nodH*, *nodM*, *nodE* и *nodF*, участвующих в синтезе видоспецифичных Nod-факторов. Для каждого

гена выявлены типовые аллели, сходные с референс-аллелью, а также аллели, последовательности которых имели структурные отличия (дивергентные аллели). Установлено, что аллели, сходные с референс-аллелью доминировали у штаммов из ПАГ, тогда как у штаммов из СКГ – дивергентные аллели генов *nodABC*, а также видоспецифичного гена *nodH*. Встречаемость дивергентных аллелей в ПАГ была в 1.6 раза выше, чем в СКГ, а количество типов указанных аллелей варьировало от 4-х до 11 в зависимости от изученного гена. По результатам анализа нуклеотидных последовательностей дивергентных аллелей указанных генов определены соответствующие величины нуклеотидного разнообразия (P_i) у штаммов из ПАГ и СКГ. В результате *in silico* анализа установлено, что высокий уровень нуклеотидного полиморфизма редких типов дивергентных аллелей генов *nodA* и *nodB*, которые были выявлены у штаммов из ПАГ, преимущественно обусловлен накоплением синонимичных мутаций. Соотношение dN/dS , определенное с использованием программы DnaSP, для аллелей генов *nodA* и *nodB* было меньше 1, что указывало на преобладание процессов стабилизирующего отбора. Нуклеотидный полиморфизм дивергентных аллелей гена *nodC* в обеих популяциях обусловлен накоплением несинонимичных замен согласно вычисленным значениям dN/dS . Это показано для доминирующей аллели, выявленной у штаммов из СКГ (частота встречаемости 0.57; $dN/dS=2.5$), и для редко встречающейся аллели у штаммов из ПАГ ($dN/dS=3.10$). Данный факт может указывать на возможность влияния положительного эволюционного давления на разные дивергентные аллели в обеих популяциях. *In silico* анализ доминирующей дивергентной аллели видоспецифичного гена *nodH* у штаммов из СКГ (частота встречаемости 0.53) выявил функционально-значимые изменения на уровне белкового продукта, тогда как в случае доминирующей аллели у штаммов из ПАГ (частота 0.4) таковых

изменений не выявлено. Аналогичный анализ доминирующих аллелей гена *nodM*, характерных для каждого региона и встречавшихся с частотами 0.47 и 0.37 у штаммов СКГ и ПАГ, соответственно, не показал наличие в них функционально-значимых замен. Для дивергентной аллели видоспецифичного гена *nodE*, являющейся превалирующей у штаммов *S. meliloti* из СКГ (частота 0.89) и доминирующей у штаммов из ПАГ (0.5), также не выявлено функционально-значимых замен на уровне белкового продукта.

В результате проведенного анализа «общих» и видоспецифичных *nod* генов у природных штаммов из СКГ и ПАГ получены данные, указывающие на то, что в указанных популяциях дивергентные аллели находятся под влиянием разных типов отбора (стабилизирующий в случае *nodA* и *nodB* и движущий – в случае *nodC*). В случае гена *nodC*, который детерминирует синтез сигнальной молекулы определенной длины, отбор дивергентных аллелей этого гена мог быть обусловлен предпочтительностью взаимодействия ризобий с растениями-хозяевами, характерными для изученных районов. В дальнейшем будет проведен сравнительный нуклеотидный анализ как типовых, так и дивергентных аллелей, что позволит проанализировать микроэволюционные процессы в данных популяциях.

Анализ *in silico* несинонимичных замен в выявленных дивергентных аллелях указывал на то, что таковые должны приводить к существенным структурным изменениям на уровне продукта гена. Проведена оценка симбиотических свойств штаммов, несущих выявленные дивергентные аллели *nod* генов. Показано, что изменения в структуре гена *nodC*, относительно референс-аллели, могут приводить к трехкратному замедлению клубенькообразования в симбиозе с растениями *M. varia* в стандартных условиях относительно референс-штамма ($P=0.000836$) и к изменению спектра хозяйской специфичности (клубеньки

сформированы на трех из шести протестированных видах растений-хозяев) также относительно рефеенс-штамма. Изменения в структуре гена *nodA*, наоборот, коррелировали с ускоренным процессом клубенькообразования в симбиозе с *M. trautvetteri* в стандартных условиях ($P=0.004563$), тогда как штаммы, имевшие измененные последовательности гена *nodH*, формировали симбиоз с растениями *M. varia* и *M. truncatula* в нормальных условиях и не образовывали клубеньки на корнях этих растений-хозяев в стрессовых условиях. За отчетный период выявлены новые гены, вовлеченные в контроль симбиотической эффективности, в результате анализа транспозантов модельного штамма *S. meliloti* СХМ1-188. Четыре из десяти мутантов в результате использования их как инокулянтов *Medicago varia* (сорт Вега) давали статистически значимые прибавки сухой массы растений (24-27%) в микровегетационных опытах. Гены интереса выявлены с использованием метода "инвертированной" ПЦР и секвенирования участков, фланкирующих Tn5. Установлено, что один из генов локализован на SMa и кодирует короткоцепочечную ацил-CoA-трансферазу, а два других – на SMb, а их продуктами являлись dTDP-4-дегидро-рамнозо-редуктаза и дигидрокси-ацетон киназа.

Проведена оценка видовой специфичности указанных Tn5-мутантов в симбиозе с разными видами люцерны: *M. varia* (с. Вега), *M. sativa*, *M. trautvetteri*, *M. lupulina* (ВИК97). Масса инокулированных растений культурных видов люцерны превышала массу растений, инокулированных родительским штаммом более, чем на 20%. Выявлена высокая отзывчивость культурных видов люцерны на инокуляцию транспозантами. Два транспозанта T796A и T900 отобраны как наиболее перспективные для дальнейшей селекционной работы.

Проведен сравнительный анализ нуклеотидного полиморфизма симбиотических генов у 11 штаммов клубеньковых бактерий козлятника,

относящихся к биоварам *Neorhizobium (Rhizobium) galegae* bv. *officinalis* и *N. galegae* bv. *orientalis* из СКГ. Показано, что нуклеотидный полиморфизм генов *fixX*, *fixC* и *fixB*, кодирующих компоненты электрон-транспортной цепи к нитрогеназе, у штаммов *N. galegae* bv. *orientalis* был значительно более высоким, чем таковой у штаммов *N. galegae* bv. *officinalis* (значения *p-distance* различались в 13-20 раз), тогда как аналогичные значения для «общих» *nod* генов (*nodA*, *nodB*, *nodC*) и *nodE* различались в среднем в 4, а гена *nodF* – в 6 раз. Наиболее значимые различия получены в случае *nodU* (кодирует 6-О-карбамоилазу, отвечающую за специфическую модификацию Nod-фактора) и *nodD2* (кодирует транскрипционный регулятор генов клубенькообразования) и *nodN*, уровень разнообразия которых у штаммов bv. *orientalis* был сопоставим с таковым у *fixX* и *fixC* и полностью отсутствовал у штаммов bv. *officinalis*. В случае последних полиморфизм также отсутствовал у ряда других генов (*nodI*, *fixU*, *fdxN*). Таким образом, нуклеотидный полиморфизм симбиотически важных генов штаммов bv. *orientalis*, выделенных из центра разнообразия их растений-хозяев, достоверно выше, чем у штаммов bv. *officinalis*, для которых данный район не является центром разнообразия их растений-хозяев. Показано, что нуклеотидный полиморфизм генов, вовлеченных в контроль симбиотической азотфиксации значительно выше, чем генов клубенькообразования, за исключением генов *nodU* и *nodD2*, что может обуславливать контрастные различия в хозяйской специфичности между штаммами двух биоваров по отношению к указанным растениям-хозяевам.

Проведен анализ структурного и нуклеотидного полиморфизма элементов акцессорного генома (геномные острова) у 160 симбиотически активных штаммов *S. meliloti* из указанных выше экосистем, а также у штаммов из агроценозов Северо-Западного региона РФ, использованных в качестве группы-сравнения. Выбраны маркерные

последовательности двух островов: ген proB2, кодирующий глутамат 5-киназу, и ген Smc03763, детерминирующий синтез цитозин специфичной метилтрансферазы (остров Sme80S), а также ген Smc02152, детерминирующий синтез геликазы, и Smc02155, продуктом которого является гипотетический белок с АТФ-связывающей активностью (остров Sme21T). Показано, что маркерные гены островов Sme21T и Sme80S у штаммов, которые имеют данные острова, встречались со сходными частотами (0.33-0.35). При этом, у штаммов, не имевших того или иного острова, также были выявлены маркерные гены, частоты встречаемости которых различались более чем в 2 раза (0.61 и 0.30, соответственно). Т.е. выявлены случаи включения генов островов в коровую структуру генома. Проведен анализ наследования блоков генов, выявленных в геномных островах штаммов *S. meliloti*, адаптированных к засоленным почвам Приаралья (ПАГ). С этой целью были выбраны маркерные последовательности в структуре данных блоков и сконструированы соответствующие праймеры. В результате выявлены штаммы, в структуре генома которых присутствовал либо один, либо два блока вне структуры острова (частоты составили 0.17 и 0.14, соответственно). Также выявлен случай наличия более одной копии одного из указанных блоков генов в геноме природного штамма. Гомология между копиями блоков в составе острова и выявленных в геноме (вне острова) составила более 90%, что доказывает факт того, что протяженные блоки генов геномных островов могут выходить из структуры островов и «закрепляться» в геномах природных штаммов ризобий.

Оценена симбиотическая активность штаммов, различающихся по структуре хромосомы, на примере двух групп штаммов (по три в каждой), которые имели (I), либо не имели (II) три острова. Симбиотическую активность оценивали по прибавке сухой массы растений двух разных родов (*Medicago*, *Trigonella*) в условиях микровегетационных опытов при

стандартных условиях и в условиях засоления (воздействие абиотического фактора). Показано, что штаммы группы I формировали высокоэффективный симбиоз с люцерной, а также с пажитником, однако симбиотическая эффективность со вторым растением-хозяином была достоверно ниже, тогда как в случае инокуляции штаммами группы II были получены сходно высокие прибавки сухой массы растений как люцерны, так и пажитника (средняя прибавка 155.6% относительно контроля без инокуляции, КБИ). Аналогично была оценена симбиотическая активность штаммов, имевших, либо не имевших остров *Sme80S*, в структуре которого присутствует копия гена *proB2*, вовлеченного в контроль осмопротектора пролина, и гена *fixT3*, находящегося под контролем системы глобальной регуляции *fixLJ*. Установлено, что штаммы, имевшие (*Sme80S+*) или не имевшие остров (*Sme80S-*) давали в типовых условиях более высокую прибавку сухой массы растений *M. varia* ($172.2 \pm 8\%$ и $141.5 \pm 14\%$) и более низкую для *M. truncatula* ($135.4 \pm 8\%$ и $97.0 \pm 23\%$, соответственно; $X^2 = 3.9$, $P = 4.9 \cdot 10^{-2}$). В условиях солевого стресса прибавки сухой массы растений *M. varia* были достоверно выше при инокуляции «*Sme80S+*», чем «*Sme80S-*» штаммами ($146.6 \pm 10\%$ и $114.7 \pm 19\%$), тогда как в случае *M. truncatula* значения прибавок сухой массы растений были сходно более высокими при инокуляции той или иной группой штаммов ($150 \pm 1.2\%$). Показано, что симбиотическая продуктивность растений *M. varia* и *M. truncatula* в типовых и стрессовых условиях достоверно зависела от того какой штамм-инокулянт был применен ($X^2 = 16.1$, $P = 1.0 \cdot 10^{-3}$). Таким образом, показано, что продуктивность растений *M. varia* и *M. truncatula* в типовых и стрессовых условиях может предопределяться геномными характеристиками штамма-инокулянта.

Новизна: выявлено три новых гена клубеньковых бактерий люцерны (*Sinorhizobium meliloti*), локализованных на мегаплазмидах и вовлеченных в

контроль симбиотической эффективности; получены новые данные, подтверждающие факт высокого уровня структурного разнообразия симбиотически важных генов клубеньковых бактерий люцерны и козлятника в центрах разнообразия их растений-хозяев и выявлены дивергентные аллели у штаммов *S. meliloti*, находящиеся под действием положительного отбора; получены новые данные, подтверждающие перенос генов и блоков генов из геномных островов *S. meliloti* в структуру геномов штаммов в природных популяциях; впервые показана взаимосвязь между структурной организацией хромосомы *S. meliloti* (наличие геномных островов) и симбиотической активностью штаммов; впервые показано, что наличие аллелей *nod*-генов *S. meliloti*, структурно отличных от таковых референс-штамма, коррелируют с изменениями в процессах нодуляции и симбиотической эффективности ризобий как в типовых, так и в стрессовых условиях; отобрано четыре новых штамма *S. meliloti* с улучшенными признаками и характеристиками симбиотической эффективности и стрессоустойчивости, перспективные для практики.

Тема 0664-2018-0021

Разработать научно-техническую документацию производства новых микробных препаратов для биологического контроля насекомых-фитофагов

Цель работы: разработка микробиологических и молекулярно-генетических подходов для создания и оптимизации штаммов бактерий для биологического контроля насекомых и грызунов – вредителей сельскохозяйственных культур.

В конкретные задачи входило: (1) Провести полногеномное секвенирование родентицидного штамма 32/3 бактерии *Salmonella enteritidis* var. Issatschenko, направленное на выявление отличий в нуклеотидной последовательности генома этой бактерии от патогенных

для человека представителей рода *Salmonella*. (2) Изучить полифункциональные свойства штамма *Bacillus thuringiensis* var. *thuringiensis* (*BtH₁*) 800/15, обладающего инсектицидной активностью, а также исследовать влияние химических инсектицидов на жизнеспособность и эффективность *BtH₁* 800/15. (3) Подготовить научно-техническую документацию для производства биологических препаратов на основе штаммов *Bacillus thuringiensis* var. *thuringiensis* 800/15 и *Salmonella enteritidis* var. *Issatschenko* 32/3.

Новизна работы: Впервые проведено полногеномное секвенирование родентицидной бактерии *Salmonella enteritidis* var. *Issatschenko* (штамм 32/3), безопасной для человека и теплокровных животных, не относящихся к отряду грызуны (*Rodentia*), на платформе Illumina, а также сборка и аннотация ее генома. В результате проведенного анализа установлено, что геном этой бактерии содержит ряд однонуклеотидных замен в генах, кодирующих факторы вирулентности и белки секреторных систем, позволяющих отличать эту бактерию от патогенных для человека представителей рода *Salmonella*.

Результат работы: В отчете представлены результаты секвенирования генома родентицидного штамма 32/3 бактерии *Salmonella enteritidis* var. *Issatschenko*, а также анализа молекулярных детерминантов, обуславливающих его вирулентность и высокую специфичность в выборе хозяина. На основании полученных нами данных полногеномного секвенирования на платформе Illumina нуклеотидная последовательность генома *S. enteritidis* var. *Issatschenko*, обладающей высокоспецифичным родентицидным действием, была сопоставлена с геномом патогенного для человека штамма *S. enteritidis*, депонированным в публичной базе данных GenBank. Было установлено, что геном *S. enteritidis* var. *Issatschenko* не содержит открытых рамок считывания, отсутствующих у болезнетворных сальмонелл, однако имеет

целый ряд несинонимичных однонуклеотидных замен в генах, приводящих к изменению первичной структуры кодируемых ими белков, которые потенциально являются ключевыми детерминантами, обуславливающими различия в специфичности выбора хозяина. Среди них гены, кодирующие белки внешней мембраны, белки секреторных систем, ассоциированных с вирулентностью, а также целый ряд факторов вирулентности. Так, нами было идентифицировано 25 генов, в открытых рамках считывания которых были локализованы вариабельные участки. К ним относился ряд генов, кодирующих белки наружной мембраны, и белки, вовлеченные в вирулентность, такие как периплазматический белок TolB, периплазматический шаперон фимбрий steC, белок системы секреторного аппарата ssaL, белок наружной мембраны ompS1, компонент секреторной системы III invG, а также ряд других транспортеров и ферментов. Полученные нами данные позволяют заключить, что высокоспецифичные родентицидные свойства *Salmonella enteritidis* var. Issatschenko обусловлены не наличием или отсутствием каких-либо открытых рамок считывания, а точечными заменами в генах, контролирующими вирулентность и патогенез этой бактерии, которые, по-видимому, вызывают изменение тонких молекулярных механизмов, обуславливающих взаимодействие патоген-хозяин.

В рамках выполнения второй задачи настоящего исследования получены данные по изучению полифункциональных свойств эффективного штамма *BtH₁800/15*, являющегося продуцентом инсектицидного биологического препарата. Нами показано, что наряду с энтомоцидной активностью этот штамм обладает антифунгальным и ростстимулирующим действием. Так, *BtH₁800/15* ингибирует рост фитопатогенных грибов *Botrytis cinerea* Pers. (штамм С-5), *Pythium* spp. (штамм С-2), *Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shomaker (штамм С-20), *Fusarium avenaceum* (Fr.) Sacc. (штамм С-8), *F. solani* App. et Wr. (штамм С-15) и

Verticillium dahlia Kleb. (штамм 27). Более того, препарат на основе *BtH₁800/15* не обладает фитотоксичностью для растений и даже проявляет ростстимулирующее действие, включая увеличение всхожести семян (на 6 - 32%), высоты проростков (на 4 - 54%) и длины корней (на 12 - 52%). Таким образом, нами показано, что штамм *BtH₁800/15* обладает полифункциональными свойствами.

Проведенный нами анализ совместного применения препарата на основе *BtH₁800/15* с химическими препаратами из групп пиретроидов (Децис Экстра КЭ) и неоникотиноидов (Корадо ВРК) позволил установить, что такой подход дает возможность снизить дозы применения химических инсектицидов в 2-3 раза без потери их эффективности, что является перспективным для внедрения в практику для снижения пестицидной нагрузки на окружающую среду.

На завершающем этапе работы для обеспечения возможности производства родентицидных и инсектицидных биологических препаратов на основе штаммов *Salmonella enteritidis* var. Issatschenko 32/3 и *Bacillus thuringiensis* var. *thuringiensis* 800/15, соответственно, подготовлен комплект научно-технической документации, включающий технические условия, технологический регламент и методику применения для каждого из препаратов. В разработанной документации описаны свойства препаратов, требования безопасности, правила приемки, методы отбора проб и проведения испытаний при работе с ними, позволяющие добиться высокой эффективности и технологичности производства и применения данных биологических препаратов.

Тема. 0664-2018-0028

Изучить механизмы взаимодействия клубеньковых и эндофитных бактерий с бобовыми растениями при совместном применении в составе комплексных биопрепаратов

Цель исследований - изучить роль эндофитных бактерий в системе симбиотических связей с клубеньковыми бактериями и бобовыми растениями (на примере растений нута *Cicer arietinum* L.).

Задачи:

- Определить влияние эндофитных бактерий на развитие бобово-ризобиального симбиоза у растений нута (*Cicer arietinum* L.)

- Оценить формирование микробиома ризосферы и эндосферы нута у культурных сортов и дикорастущих видов в процессе взаимодействия с клубеньковыми бактериями

Новизна. Впервые определена зависимость состава эндосферного микробиома от сортовых особенностей культурных сортов и дикорастущих видов нута. Выделены как общие доминантные филы (*Alphaproteobacteria*), так и минорные бактериальные кластеры.

В ходе исследования изучено формирование микробиома ризосферы и эндосферы растений нута культурного (*Cicer arietinum* L.), а также его дикорастущих видов (*Cicer reticulatum* Ladiz и *Cicer echinospermum* P.H.Davi), полученных из исходных ареалов распространения этого растения (Передняя Азия). Кроме того, в исследовании был задействован мутантный сорт *Cicer arietinum* ICCV 96029, который является раннецветущим (20 д.п.с.) ортологом арабидопсиса (*Arabidopsis thaliana*) EARLY FLOWERING3 (ELF3) (Ridge с соавт., 2017), а также засухоустойчивый сорт ICC 16207 (Archana Joshi-Saha, 2015). Поскольку климатические условия в целом являются стрессовыми, и растение испытывает в течении короткого вегетационного сезона засуху, высокие температуры или заморозки в конце сезона, раннее цветение и устойчивость к засухе является очень желательной чертой для сортов нута. Полученные результаты позволяют оценить состав эндосферного и ризосферного микробиома в зависимости от сортовых особенностей. Установлено, что дикорастущих видов и культурные сорта существенно

отличаются по составу микробиома эндосферы. Выделены как общие доминантные филы (*Alphaproteobacteria*), так и минорные бактериальные кластеры. Изучен состав микробиома мутантного сорта *Cicer arietinum* ICCV 96029, выделены его основные бактериальные компоненты. Оценено влияние яровизации на развитие микробиома эндосферы нута. Установлено, что яровизация также оказывает существенное влияние не только на физиологические процессы в растении, но и на формирование микробиома. Таким образом, установлено, что состав микробиома эндосферы дикорастущих видов и культурных сортов нута в процессе формирования клубеньков определяется сортом растения. Наибольшее разнообразие в составе микробиома отмечено у дикорастущих видов.

1.2. Цель исследований - разработка концепции оценки эффективности интродукции микробиологических средств защиты растений в полевых и лабораторных условиях методом количественной ПЦР и флуоресцентной *in situ* гибридизации с использованием модельных растительно-микробных систем

Задачи

- Разработать адекватные родо- и видоспецифичные Real-Time тест- системы для количественной оценки степени интродукции эндофитных бактерий в эндосферу растений

- Провести верификацию и валидацию разработанной тест- системы на примере модельной гнотобиотической системы с использованием растений нута и эндофитных бактерий, выделенных из различных источников (эндосфера нута, эндосфера сфагнов)

- Разработать метод специфичной визуализации микроорганизмов с помощью флуоресцентной *in situ* гибридизации с использованием модельных растительно-микробных систем

Новизна. Впервые разработана концепция оценки эффективности интродукции микробиологических средств защиты растений в полевых и

лабораторных условиях методом количественной ПЦР и флуоресцентной *in situ* гибридизации с использованием модельных растительно-микробных систем

Результаты. На основании данных о составе гена 16S рРНК установлена видовая принадлежность трех штаммов эндофитных бактерий, выделенных из семян нута (*Bacillus methilotrophicus* СТ2), эндосферы корней нута около сформированного клубенька (*Paenibacillus salinicaeni* 2017-6), эндосферы сфагнов (*Pseudomonas spp.* RM13D). На основании генетической последовательности гена 16S рРНК для указанных штаммов проведен дизайн и разработаны родо- и видоспецифичные тест-системы на основе метода расщепляемых зондов (Taq-man, «так-мэн»). Проведена оптимизация условий проведения реакций ПЦР в «режиме реального времени»: подобраны температуры отжига праймеров и зондов, оптимизированы концентрации Mg²⁺, дезоксирибонуклеотидов, праймеров, зондов, матричной ДНК. Созданы стандартные образцы ДНК, полученные из известного числа клеток указанных штаммов, необходимые для дальнейшего абсолютного количественного анализа. Проведена верификация и валидация разработанной тест-системы на примере модельной гнотобиотической системы с использованием растений нута и эндофитных бактерий. Получены данные об абсолютной бактериальной нагрузке интродуцируемых штаммов в процессе развития растений нута. Данная работа будет продолжена с целью получения информации о составе всего генома указанных штаммов и дальнейшей разработки штаммоспецифичных тест-систем. Разработан метод специфичной визуализации микроорганизмов с помощью флуоресцентной *in situ* гибридизации с использованием модельных растительно-микробных систем.

1.3. Цель исследований - определение биоразнообразия, динамики численности, способов проникновения и свойств не образующих клубеньки эндофитных бактерий, выделенных из различных природных источников: клубеньков бобовых растений и сфагновых мхов.

Задачи

- Получение коллекции эндофитных бактерий, выделенных из внутренних тканей корней нута близких к зоне развития клубеньков.
- Получение коллекции эндофитных бактерий, выделенных из семян дикорастущих видов нута *Cicer reticulatum* Ladiz и *Cicer echinospermum* P.H.Davi.
- Изучение динамики численности, способов проникновения интродуцируемых штаммов эндофитных бактерий.

Новизна. Впервые получены данные о составе культивируемой эндофитной микрофлоры семян дикорастущих видов нута, а также областей корневой системы, прилегающей к клубенькам.

Результаты. Определено биоразнообразие, динамика численности, способы проникновения и свойства не образующих клубеньки эндофитных бактерий, выделенных из различных природных источников: клубеньков бобовых растений и сфагновых мхов.

Тема № 0664-2018-0029

Изучить ключевые этапы развития тройного симбиоза гороха посевного (*Pisum sativum* L.) с клубеньковыми бактериями, грибами арбускулярной микоризы и эндофитными бактериями при помощи методов транскриптомики, метагеномики и биоинформатики

Цель работы: Характеристика структурно-функциональной организации генетической системы развития тройного симбиоза бобовых растений с симбиотическими (клубеньковыми, эндофитными) бактериями

и микоризными грибами при помощи методов транскриптомики, метагеномики и биоинформатики.

Новизна: В ходе работы путем анализа экспрессии генов в симбиотических органах и тканях растений гороха «дикого типа» и мутантов по генам ключевых симбиотических транскрипционных факторов впервые были идентифицированы компоненты растительного генома (гены, объединенные общей регуляцией их активности), необходимые для развития и функционирования взаимовыгодных симбиозов гороха с микроорганизмами. В частности, на основании этого анализа у растений гороха были впервые идентифицированы коэкспрессионные генные сети, активность которых приводит к развитию азотфиксирующих клубеньков и арбускулярной микоризы. Также впервые был детально охарактеризован эндофитный микробиом стеблей растений гороха посевного (линии «дикого типа» Frisson и полученных на ее основе мутантов по генам *sym9* и *sym29*), в результате чего было продемонстрировано, что мутации в данных генах оказывают влияние на микробиомные профили растения, приводя к уменьшению (*sym9*) либо увеличению (*sym29*) их разнообразия.

Результаты:

Анализ экспрессии генов в симбиотических органах и тканях растений гороха «дикого типа» и мутантов по генам ключевых симбиотических транскрипционных факторов был проведен при помощи методологии NGS (секвенирование следующего поколения). В работе использованы мутанты по генам *sym35*, *sym34*, *sym7*, кодирующие ключевые транскрипционные факторы (гомологичные *NIN*, *NSP1* и *NSP2* модельных бобовых растений лядвенца японского и люцерны слабоусеченной). Секвенирование проведено на приборе Illumina HiSeq 2500 по протоколу MACE (англ. Massive Analysis of cDNA Ends), разработанном в компании GenXPro GmbH (Франкфурт-на-Майне, Германия). В соответствии с

методологией MACE, секвенированию подвергается не весь транскрипт, а лишь его фрагмент размером 100-200 п.н., прилегающий к полиА-хвосту (Жуков и др., 2015). Анализ дифференциальной экспрессии генов, проведенный на данных секвенирования, позволил выявить группы генов, находящиеся под контролем генов транскрипционных факторов *NIN*, *NSP1* и *NSP2*.

Для аннотации контигов, соответствующих генам, дифференциально экспрессирующимся в проанализированных пробах, была использована база данных, созданная за отчетный период. База данных включает в себя транскрипты, идентифицированные при секвенировании транскриптома микоризованных корней гороха посевного на приборе Illumina HiSeq 2000 с очень глубоким покрытием (более 150 млн. ридов). Данная база является самым полным транскриптомом гороха, созданным к настоящему моменту.

На основании данных секвенирования транскриптома были построены генные сети коэкспрессирующихся транскриптов (т.е. тех транскриптов, уровень экспрессии которых изменяется совместно при изменении условий эксперимента). В результате были выявлены группы генов, согласованно отвечающих на симбиоз с клубеньковыми бактериями и грибами арбускулярной микоризы, гены, специфично активируемые/ингибируемые в случае одного из симбиозов, а также гены, экспрессия которых находится под контролем изучаемых транскрипционных факторов *NIN*, *NSP1* и *NSP2* у гороха посевного.

Таким образом, анализ экспрессии генов в симбиотических органах и тканях растений гороха, в том числе мутантных, позволил выявить ключевые компоненты, характерные для развития и функционирования взаимовыгодных симбиозов гороха с микроорганизмами, а также идентифицировать взаимосвязь между генами и группами генов, объединенными в коэкспрессионные генные сети, активность которых

приводит к развитию азотфиксирующих клубеньков и арбускулярной микоризы.

Горох посевной до сих пор не исследован должным образом в отношении взаимодействия с эндофитными бактериями. Для восполнения этого пробела в знаниях за отчетный период было проведено изучение сообщества бактериальных эндофитов, колонизирующих надземные органы растений гороха посевного, при помощи секвенирования следующего поколения. В ходе работы при помощи широкомасштабного секвенирования диагностических фрагментов 16S-рДНК на ДНК, выделенной из тканей растения, был изучен эндофитный микробиом надземных частей растений гороха посевного (линии «дикого типа» Frisson и полученных на ее основе мутантов по генам *sym9* (кодирует кальций/кальмодулин-зависимую киназу, вовлеченную в сигналинг на ранних стадиях развития азотфиксирующего и арбускулярно-микоризного симбиозов) и *sym29* (кодирует рецепторную киназу, опосредующую сигнальную связь в системе авторегуляции клубенькообразования и формирования микоризы). Оба эти гена являются общими для азотфиксирующего и арбускулярно-микоризного симбиозов, и мутации в них приводят к нарушениям развития обоих симбиозов. В результате анализа было установлено, что мутации в симбиотических генах *Sym9* и *Sym29* имеют различное влияние на микробиом стеблей, соответственно, снижая или повышая разнообразие бактериальных фил, детектируемых в тканях растений. Следовательно, некоторые симбиотические гены оказывают влияние на развитие трех типов мутуалистических симбиозов, образуемых горохом посевным, хотя это влияние имеет различную степень проявления.

Таким образом, в результате работы получены новые знания о молекулярных механизмах развития тройного симбиоза гороха посевного (*Pisum sativum* L.) с клубеньковыми бактериями, грибами арбускулярной

микоризы и эндосферными бактериями при помощи методов транскриптомики, метагеномики и биоинформатики.

Тема № 0664-2018-0001

Провести фенотипическую паспортизацию коммерческих штаммов клубеньковых бактерий, депонированных в Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения (ВКСМ), с целью контроля качества биопрепаратов на их основе» (№ 0664-2018-0001).

Цель: Разработка методов идентификации и мониторинга высокоэффективных штаммов ризобий в условиях производства и применения биопрепаратов.

Конкретная задача исследования состояла в получении фенотипических паспортов коммерческих штаммов клубеньковых бактерий, депонированных в Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения (ВКСМ).

Новизна:

Впервые предложенный метод оценки ферментативной активности и аутентификации коммерческих штаммов клубеньковых бактерий с помощью системы мультисубстратного тестирования позволит проводить экспресс-контроль качества биопрепаратов в процессе хранения.

Результаты:

Объектом исследований были 10 коммерческих штаммов клубеньковых бактерий для производства биопрепаратов для инокуляции вики, фасоли, клевера, нута, лядвенца, сои и люпина из Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения (ВКСМ): *Rhizobium leguminosarum* RCAM0610, RCAM2624, RCAM1326; *Mesorhizobium ciceri* RCAM2102; *Mesorhizobium loti* RCAM1801; *Bradyrhizobium japonicum* RCAM2490,

RCAM24100 и *Bradyrhizobium* sp. RCAM 1614, RCAM1622, RCAM1635. Для проведения фенотипической паспортизации штаммов клубеньковых бактерий был использован оптимизированный метод мультисубстратного тестирования на базе системы MicroPlate GENIII BioLog. Тестирование проводилось в идентичных условиях (титр бактериальной суспензии, температура культивирования, время инкубации). Аутентификация штаммов проводилась с помощью секвенирования гена 16S рНК.

В результате мультисубстратного тестирования, основанного на колориметрической детекции развития культур на различных субстратах или в присутствии определённых химических соединений (94 теста) была изучена метаболическая активность десяти исходных ризобияльных штаммов, а также культур, выделенных из готовых биопрепаратов сразу после производства и спустя 3 и 6 месяцев хранения. Анализ полученных метаболических профилей показал, что штаммы одного вида клубеньковых бактерий имели, как правило, сходные фенотипические паспорта. Однако некоторая изменчивость метаболической активности культур в зависимости от их физиологического состояния не позволил определить уникальные профили, которые были бы штамм-специфичны (характерны для каждого штамма). Значительного изменения метаболической активности, выходящего за пределы вида, у большинства изученных штаммов в процессе хранения биопрепаратов выявлено не было, в целом, медленнорастущие ризобии были более физиологически стабильны.

Таким образом, с помощью системы MicroPlate GENIII BioLog получены фенотипические паспорта 10 коммерческих штаммов клубеньковых бактерий, депонированных в Ведомственной коллекции полезных микроорганизмов сельскохозяйственного назначения (ВКСМ). Показана возможность использования мультисубстратного тестирования для аутентификации штаммов на уровне вида, а также оценки их

физиологического состояния в процессе хранения биопрепаратов. Однако, поскольку размах изменчивости метаболической активности у разных штаммов может различаться, практическое использование метода для конкретных штаммов требует предварительного изучения. В случае существенных расхождений (выходящих за пределы вида) физиологического профиля у одного и того же штамма, вопрос о его аутентичности должен решаться с привлечением традиционных методов (ПЦР-диагностика, секвенирование гена 16S рРНК).

Тема № 0664-2018-0024

Создать программы компьютерных экспериментов для изучения микроэволюционных процессов самоорганизации микробов и растений в высокоэффективные целостные симбиосистемы.

Генеральная цель исследования – изучение процессов адаптивной самоорганизации микробно-растительных симбиосистем (МРС), возникающей в ответ на медленные долгосрочные и кратковременные случайные (стрессовые) изменения условий внешней среды, включая воздействия агротехнологий.

Для достижения поставленной генеральной цели необходимо в качестве объекта научных экспериментов использовать математическую модель МРС, которая может существовать только в виртуальной компьютерной вычислительной среде. Необходимость замены объекта экспериментирования вызвана тем, что полноценные научные эксперименты с реальными МРС весьма затруднительны. Натурные эксперименты растягиваются на многие годы и ограничены в возможностях варьирования параметрами биосистем и фиксации внешних условий. Медиа-модель МРС предоставляет благоприятные условия для быстрого оперативного воспроизведения в цифровом непрерывном режиме многоуровневых циклических процессов, подобных

процессам в реальных биосистемах. Для проведения компьютерных экспериментов необходима медиа-модель MPC с открытой конфигурацией, допускающей ввод в нее (без нарушения ее целостности) функциональных и параметрических модификаций на всех уровнях иерархической организации биосистем. Только с помощью открытой медиа-модели MPC и компьютерных экспериментов удастся в полном объеме изучение влияния процессов первичного иерархического уровня биосистем на внешние интегральные общесистемные циклические процессы.

Конкретные задачи, которые были поставлены и решены в отчетный период в рамках поставленной генеральной цели исследования:

1. Экспериментальное исследование QS-регуляции процессов прорастания семян растений в зависимости от поверхностной плотности посева растений;

2. Создание математической модели QS-регуляции процессов прорастания семян для QS-модификации блока растительных процессов в медиа-модели MPC, блок-схема которой была разработана ранее (2016-2017 гг.);

3. Создание методики и компьютерной Excel-программы, позволяющей определять по экспериментальным данным значение единственного параметра QS-регуляции процессов прорастания семян - индекса прорастания семян (IndexF);

4. Провести компьютерные эксперименты с QS-модифицированной медиа-моделью MPC для изучения зависимости параметров QS-регуляции прорастания семян от объема питательных и энергетических ресурсов в почве, накопленных при утилизации растительных остатков с помощью микробиологического препарата Баркон.

Для экспериментально-теоретического изучения и моделирования QS-регуляции процессов прорастания семян в отчетном году был

проведен вегетационный опыт с растениями ячменя: 4 варианта плотности посева семян растений (15, 20, 25, 30 шт./сосуд) и по 5 сосудов в каждом варианте. Экспериментально было установлено, что при высадке 75 и 150 семян ячменя в отдельные сосуды в них проросло 94-97%. Кроме этого, было обнаружено, что в вариантах опыта, отличающихся не только плотностью посева семян, но и внесением в почву осенью 2017 года соломы ячменя, инокулированной микроорганизмами препарата Баркон, наблюдаются отличия в значениях индекса прорастания семян.

В качестве математической модели *QS*-регуляции прорастания семян была использована математическая модель, которая описывает аналогичную *QS*-регуляцию миграционной активности бактерий, используемой в почвенном микробиологическом блоке предыдущей версии медиа-модели MPC (см. отчет 2017 года). Для решения системы нелинейных алгебраических уравнений и вычисления значения индекса прорастания семян ($IndexF$) по экспериментальным данным была разработана Excel-программа, и было установлено, что индекс прорастания семян ячменя $IndexF=0.00006$. Согласно модели, при $IndexF=0$ должно прорасти 100% семян. Таким образом, с уменьшением значения $IndexF$ доля прорастающих семян возрастает.

В вариантах опыта без инокуляции соломы ячменя микробиологическим препаратом $IndexF=0,00012$ (урожайность зерна 5,5 г), а в вариантах с инокуляцией соломы ячменя - $IndexF=0,000015$ (урожайность зерна 6,6 г). Из этого следует, что повышение урожайности ячменя и уменьшение $IndexF$ в одних и тех же вариантах опыта связаны между собой, и по значению $IndexF$ можно оценивать объемы питательных и энергетических ресурсов в почве, накопленных микроорганизмами препарата Баркон в результате разложения растительных остатков.

Компьютерные эксперименты с QS-модифицированной медиа-моделью MPC показали, что в симбиосистемах могут возникать длительные переходные процессы, при которых приоритет в размножении получают редкие генотипы растений, более тесно и эффективно взаимодействующие с симбиотической микрофлорой.

Результаты исследования, обладающие новизной:

1. Применение цифрового медиа-моделирования в научных исследованиях сложных MPC является перспективным новаторским решением, позволяющим избавиться от многих трудностей проведения длительных рутинных натуральных экспериментов и предоставляющим реальную возможность в короткие сроки изучить без нарушения целостности биосистем корреляционные связи между процессами, протекающими одновременно на первичном микробиологическом и растительном уровнях и на внешнем интегральном уровне иерархической организации биосистем.

2. QS-модификация растительного блока медиа-модели MPC впервые доказала, что в QS-модифицированной медиа-модели MPC могут отображаться следующие явления: (1) захват и поддержка новых редких генотипов растений, способных объединяться с микроорганизмами в целостные и эффективные симбиосистемы, (2) расширение разнообразия симбиотических генотипов растений и микроорганизмов, повышающих устойчивость биосистем к изменяющимся внешним условиям; (3) возрастание давления отбора в отношении редких растительных генотипов при возрастании индекса всхожести семян; (4) сокращение сроков достижения финального паритетного соотношения растительных генотипов в семенной продукции симбиосистемы при возрастании индекса всхожести семян.

3. Разработанная методика определения параметра QS-регуляции всхожести семян растений (индекса всхожести семян) может

использоваться как по прямому назначению, так и в качестве нового способа опосредованной оценки применения микробиологических препаратов в аграрных технологиях, направленных на восстановление почвенных ресурсов.

В результате выполнения работы была создана программа компьютерных экспериментов для изучения макроэволюционных процессов самоорганизации микробов и растений в высокоэффективные целостные симбиосистемы (Свидетельство о государственной регистрации программ для ЭВМ № 2018614119 от 0

Научный потенциал учреждения.

Подготовка и переподготовка научных кадров в 2018 г.

| №№ п/п | Наименование показателей | По состоянию на 01. 11. 2018 г. |
|-------------------|---|--|
| 1. | Научные сотрудники (штатная численность), всего | 72 |
| | в том числе: руководители научных подразделений | |
| | главные научные сотрудники | 4 |
| | ведущие научные сотрудники | 22 |
| | старшие научные сотрудники | 19 |
| | научные сотрудники | 2 |
| | младшие научные сотрудники | 12 |
| 2. | Инженерный и вспомогательный персонал | 112 |
| | лаборанты всех категорий | |
| 3. | Специалисты высшей квалификации, всего | 140 |
| | в том числе: доктора наук | 11 |
| | кандидаты наук | 46 |
| | из них: | |
| 4. | Академики, члены-корреспонденты, заслуженные деятели науки и техники, работающие в институте | 1 |
| 5. | Численность специалистов других НИИ и ВУЗов, привлеченных к выполнению НИОКР, всего | |
| | в том числе: доктора наук | |
| | кандидаты наук | |

| | | |
|------------|--|------------|
| 6. | Общее число аспирантов, | 6 |
| | в том числе: заочного обучения | |
| | обучается в аспирантуре института | 6 |
| 7. | Общее число соискателей, | 1 |
| | в том числе: степени доктора наук | |
| | степени кандидата наук | 1 |
| 8. | Принято в аспирантуру, всего | |
| | в том числе: на заочное обучение | - |
| 9. | Защищено диссертаций сотрудниками института, всего | - 2 |
| | в том числе: докторских | 1 |
| | кандидатских | 1 |
| 10. | Прошли переподготовку и повышение квалификации, всего | 7 |
| | в том числе за рубежом | 0 |

4.Изобретательская, патентно-лицензионная работа + таблица по старой форме (перечень патентов).

. Перечень патентов и поданных заявок на патенты в 2018 г.

| № п/п | Номер патента или приоритетной справки по заявке на патент, дата регистрации | Наименование патента | Фамилия, имя, отчество авторов |
|--------------------------------------|---|---|---|
| а) Полученные патенты | | | |
| 1 | 2699359, 02 апреля 2018г | Штамм бактерий <i>Bacillus megaterium</i> V3 в качестве средства для ускорения роста и увеличения продуктивности зерновых, овощных, технических и древесных культур | Чеботарь В.К. Щербаков А.В. Заплаткин А.Н. Щербакова Е.Н. Роц П.Ю. Мулина С.А. |
| 2 | 2672381,* 14 ноября 2018г. | Биотехнологический способ оптимизации производства привитых саженцев винограда на основе применения гриба <i>Glomus intraradices</i> Shenck&Smith, штамм RCAM02146 | Юрченко Е.Г. Юрков А.П. Политова З.С. |
| б) Поданные заявки на патенты | | | |

| | | | |
|---|--|--|---|
| 1 | 2018132661 (053489) 12 сентября 2018 г. | Иннокулянт для семян сои | Лактионов Ю.В. Кожемяков А.П. Косульников Ю.В. Николаенко Д.В. Яхно В.В. |
| 2 | 2018136190 /10(059798), 12 октября 2018г. | Штамм клубеньковых бактерий люцерны Sinorhizobium melliloti AK55 - симбиотический азотфиксатор для различных агроклиматических условий | Кожемяков А.П. Симаров Б.В. Румянцева М.Л. Онищук О.П. Курчак О.Н. Лактионов Ю.В. Мунтян В.С. |
| | | | |

в) Свидетельства

| | | | |
|---|--------------------------------|---|--|
| 1 | 2018614119 02 апреля 2018г. | Программа вычисления фрактального индекса эксудации растениями сахаров, органических кислот и аминокислот | Воробьев Н.И. Пухальский Я.В. Свиридова О.В. Пищик В.Н. Белимов А.А. |
|---|--------------------------------|---|--|

г) Свидетельства на товарные знаки

| | | | |
|---|-------------------------|-------------|--|
| 1 | 656467 16 мая 2018г. | АКАРАКТ | |
| | 656468 16 мая 2018г. | МИКРОМУСЦИД | |
| | 656466 16 мая 2018г. | ФЛЮРОБАК | |
| | 656465 16 мая 2018г. | ЭНТОБАК | |

б) Поданные заявки на патенты

| | | | |
|---|--|-------------------------------------|--|
| 1 | 2018132661 (053489) 12 сентября 2018 г. | Иннокулянт для семян сои | Лактионов Ю.В. Кожемяков А.П. Косульников Ю.В. Николаенко Д.В. Яхно В.В. |
| 2 | 2018136190 / | Штамм клубеньковых бактерий люцерны | Кожемяков А.П. |

| | | | |
|------------------------------------|-------------------------------------|--|---|
| | 10(059798), 12 октября 2018г. | Sinorhizobium melliloti AK55 - симбиотический азотфиксатор для различных агроклиматических условий | Симаров Б.В. Румянцева М.Л. Онищук О.П. Курчак О.Н. Лактионов Ю.В. Мунтян В.С. |
| 3 | | Рекомбинантный вектор для синтеза в клетках растений рецепторной киназы K1, контролирующей развитие симбиоза с клубеньковыми бактериями, и штамм для репликации вектора. | Кириенко А.Н. Долгих Е.А. |
| в) Свидетельства | | | |
| 1 | 2018614119 02 апреля 2018г. | Программа вычисления фрактального индекса эксудации растениями сахаров, органических кислот и аминокислот | Воробьев Н.И. Пухальский Я.В. Свиридова О.В. Пищик В.Н. Белимов А.А. |
| г) Свидетельства на товарные знаки | | | |
| 1 | 656467 16 мая 2018г. | АКАРАКТ | |
| | 656468 16 мая 2018г. | МИКРОМУСЦИД | |
| | 656466 16 мая 2018г. | ФЛЮРОБАК | |
| | 656465 16 мая 2018г. | ЭНТОБАК | |
| | | МЕГАСТИМ | |

*в строке ПАТЕНТООБЛАДАТЕЛИ первым указано юридическое лицо
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский
зональный научно-исследовательский институт садоводства и виноградарства»

5. Международное сотрудничество – нет

6. Публикации (статьи в WoS + SCOPUS, РИНЦ, другие, монографии, методические пособия)

МЕЖДУНАРОДНЫЕ ПУБЛИКАЦИИ

| | |
|---|--|
| 1 | Afonin A., Maslikova T., Sulima A., Zhukov V., Tikhonovich I. Characterisation of Novel Soil Bacteria Capable of Suppressing the Fix- Phenotypes of <i>Pisum sativum</i> L. LINES P61 AND P63 // 13th European Nitrogen Fixation Conference (ENFC) |
|---|--|

| | |
|---|---|
| | Conference. Stockholm, Sweden, 18 - 21 August 2018 P. 172. |
| 2 | Afonin A., Sulima A., Maslikova T., Vasileva E., and Tikhonovich I. Bacterial genetic features determining the strain specificity of <i>Pisum sativum</i> line P61 interaction with <i>Rhizobium leguminosarum</i> . // 3rd Conference on Ecology of Soil Microorganisms. Helsinki, Finland, 17–21 June 2018 P.79. |
| 3 | Afonin A., Sulima A., Vasileva E., Aksenova T., Zhukov V., Tikhonovich I. Genome and transcriptome of <i>Rhizobium leguminosarum</i> bv <i>viciae</i> strain RCAM1026 capable of suppressing the mutant pea (<i>Pisum sativum</i> L.) line P61 // Satellite Meeting - Workshop on the Genomics of N-Fixing Organisms, 13th European Nitrogen Fixation Conference (ENFC) Conference. Stockholm, Sweden, 18 - 21 August 2018 P. 3. |
| 4 | Alferov A.A., Chernova L.S., Kozhemyakov A.P. Efficacy of Biopreparations for Spring Wheat in the European Part of Russia against Different Backgrounds of Mineral Nutrition // Russian Agricultural Sciences, 2018, Vol. 44, №1, PP. 53–57. Импакт фактора нет. |
| 5 | Andronov E.E. Some problems of the diversity of microbial communities. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа. С. 91. РИНЦ |
| 6 | Antonets K.S., Kliver S.F., Nizhnikov A.A. Amyloid-forming proteins of bacteria of the order rhizobiales are involved in pathogenesis and plant-microbial interactions. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа. С. 9 РИНЦ |
| 7 | Antonets K.S., Kliver S.F., Nizhnikov A.A. Exploring Proteins Containing Amyloidogenic Regions in the Proteomes of Bacteria of the Order Rhizobiales. // Evolutionary Bioinformatics. 2018. Т. 14. С. 1-12. Номер статьи: 1176934318768781 DOI: 10.1177/1176934318768781 Идентификационный номер: WOS:000430234800001 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85055322524 Идентификатор PubMed: 29720870 Квартили: Категория® JCR EVOLUTIONARY BIOLOGY Q4 Категория® JCR MATHEMATICAL & COMPUTATIONAL BIOLOGY Q2 Импакт фактор - 1.877 SJR 2017 - 0.900 Цитируемость в WoS и SCOPUS - 0 WoS SCOPUS РИНЦ |
| 8 | Antonets K.S., Kliver S., Polev D., Shuvalova A., Andreeva E., Inge-Vechtomov S., Nizhnikov A.A. Swi1 Prion Formation and Deletional Inactivation Have Different Effects on the Gene Expression in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> . // FEBS Open Bio. 2018. Т. 8. № S1. С. 408. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674104309 2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 Цитируемость в WoS - 0 WoS РИНЦ |
| 9 | Aparin B.F., Andronov E.E., Sukhacheva E.Yu., Kichko A.A., Valchenko Ia.V. Microbial community in soils of Saint Petersburg / В книге: "Biogenic – Abiogenic |

| | |
|----|--|
| | Interactions in natural and anthropogenic systems". Conference proceedings, devoted to the 150th anniversary of the Saint-Petersburg Naturalists Society. Saint-Petersburg State University; Saint-Petersburg Naturalists Society. 2018. С. 12-13. РИНЦ |
| 10 | Belimov A.A., Malkov N.V., Puhalsky J.V., Tsyganov V.E., Bodyagina K.B., Safronova V.I., Dietz K.-J., Tikhonovich I.A. The crucial role of roots in increased cadmium-tolerance and Cd-accumulation in the pea mutant SGECD ^t // <i>Biologia Plantarum</i> , 2018, Том 62, Выпуск 3, СС. 543-550. DOI: 10.1007/s10535-018-0789-0 Идентификационный номер: WOS:000436844600015 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85042099463 Impact Factor 1.424 Квартиль Q2 Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований SCOPUS : 0 WoS SCOPUS РИНЦ |
| 11 | Belimov A.A., Shaposhnikov A.I., Azarova T.S., Makarova N.M., Puhalsky J.V., Loskutov S.I., Sekste E.A., Kichigina N.E., Sazanova A.L., Safronova V.I., Vishnyakova M.A., Semenova E.V., Kosareva I.A. Mechanisms of adaptation of associative symbiosis of peas with rhizosphere microorganisms to toxic aluminum // <i>Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего»</i> , 13-17 июня 2018 г., Уфа / отв. ред. И.А. Тихонович – 2018, с.12. РИНЦ |
| 12 | Belousov M.V., Bondarev S.A., Kosolapova A.O., Antonets K.S., Zhouravleva G.A., Nizhnikov A.A., Sulatskaya A.I., Sulatsky M.I., Kuznetsova I.M., Turoverov K.K. M60-Like Metalloprotease Domain of the <i>Escherichia Coli</i> YghJ Protein Forms Amyloid Fibrils // <i>PLoS ONE</i> . Published: January 30, 2018. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0191317 Идентификационный номер: WOS:000423617800017 SCOPUS id=2-s2.0-85041226715 2017/2018 Impact Factor - 2.766 SJR 2017 - 1.164 Квартиль Q1 Цитируемость в WoS и SCOPUS – 1 WoS SCOPUS |
| 13 | Belousov M.V., Bondarev S., Kosolapova A., Antonets K.S., Belousova, M., Sulatskaya A., Sulatsky M., Zhouravleva G., Kuznetsova I., Turoverov K., Nizhnikov A.A. Amyloid Properties of the <i>Escherichia coli</i> YghJ Protein.// <i>FEBS Open Bio</i> . 2018. Т. 8. № S1. С. 394-395. DOI – нет. Идентификационный номер: WOS:000437674104263 2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS |
| 14 | Belousova M., Antonets K.S., Belousov M.V., Shtark O.Yu., Kosolapova A., Nizhnikov A.A. Identification of Amyloid-Forming Proteins in Higher Plants. // <i>FEBS Open Bio</i> . 2018. Т. 8. № S1. С. 409. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674104310 2017/2018 Impact Factor -1.782 |

| | |
|----|--|
| | <p>Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS</p> |
| 15 | <p>Beregovaya Yu.V., Krotikov A.A., Shapkin V.M., Belimov A.A. Influence of biopreparations of rhizobacteria on resistance to phytopathogens and commercial qualities of potato at various mineral nutrition levels // Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа / отв. ред. И.А. Тихоновича – 2018, с.100. РИНЦ</p> |
| 16 | <p>Bondarev S.A., Antonets K.S., Nizhnikov A.A., Zhouravleva G.A., Kajava A.V. Protein Co-Aggregation Related to Amyloids: Methods of Investigation, Diversity, and Classification. // International Journal of Molecular Sciences. 2018. Т. 19. № 8. Номер статьи 2292. DOI: 10.3390/ijms19082292 Идентификационный номер: WOS:000442869800144 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85052135558 Идентификатор PubMed: 30081572 Impact Factor(2017) - 3.687 Квартиль Q2 Цитируемость – 0 WoS SCOPUS</p> |
| 17 | <p>Chebotar V.K., Shaposhnikov A.I., Shcherbakova E.N., Mulina S.A., Tsukanova K.A., Zaplatkin A.N. Microbial diversity of endophytes from wooden plants as promising biotechnological source for agriculture. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 18. РИНЦ</p> |
| 18 | <p>Chebotar Vladimir, Shcherbakov Andrey, Shcherbakova Elena, Voinov Egor, Zaplatkin Alexander, Malfanova Natalia. Endophytic bacteria as promising biotechnological resource for biocontrol of phytopathogens. 5th Theodor Escherich & 2nd AMICI Joint Symposium, 8th - 9th November, 2018, Medical University of Graz, Austria. Abstract Book. P.14.</p> |
| 19 | <p>Elhai Jeff, Khudyakov I.Y. Ancient Association of Cyanobacterial Multicellularity with the Regulator HetR and an RGSGR Pentapeptide-Containing Protein (PatX). // Molecular microbiology. First published: 08 June 2018. DOI: 10.1111/mmi.14003 SCOPUS id=2-s2.0-85053151516 Impact Factor - 3.816 SJR 2017 - 2.384 Квартиль Q1 Цитируемость в Scopus - 1 SCOPUS</p> |
| 20 | <p>Ermolova V.P., Grischechkina S.D., Yakhno V.V., Antonets K.S., Nizhnikov A.A. Entomopathogenic microbiological insecticide "Bitoks" for the control of phytophagous pests./ Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа, С 147. РИНЦ</p> |
| 21 | <p>Frolov A., Mamontova T., Ihling Ch., Lukasheva E., Bankin M., Chantseva V., Vikhnina M., Soboleva A., Shumilina Ju., Mavropolo-Stolyarenko G., Grischina T., Osmolovskaya N., Zhukov V., Hoehenwarter W., Sinz A., Tikhonovich I.,</p> |

| | |
|----|--|
| | <p>Wessjohann L., Bilova T., Smolikova G., Medvedev S. et al. Mining Seed Proteome: from Protein Dynamics to Modification Profiles. // Biological Communications. 2018. T. 63. № 1. С. 43-58. 2-year RSCI impact factor: 0.478 РИНЦ</p> |
| 22 | <p>Gladkov G.V., Kimeklis A.K., Onishchuk O.P., Kurchak O.N., Puhalsky Ya.V., Safronova V.I., Belimov A.A., Andronov E.E., Provorov N.A. Host specificities of microsymbionts relic legumes <i>Vavilovia formosa</i> / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа / отв. ред. И.А.Тихоновича – 2018, С.121. ПЕРЕВОД Кимеклис А.К., Кузнецова И.Г., Сазанова А.Л., Сафронова В.И., Белимов А.А., Онищук О.П., Курчак О.Н., Гладков Г.В., Аксенова Т.С., Пинаев А.Г., Андронов Е.Е., Проворов Н.А. Генетический анализ ризобий из трёх популяций реликтового бобового растения <i>Vavilovia Formosa</i>. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа . С.163. РИНЦ</p> |
| 23 | <p>Grishechkina S.D., Ermolova V.P., Romanova T.A., Antonets K.S., Nizhnikov A.A. Screening of the <i>Bacillus thuringiensis</i> (BT) isolates for developing of environmentally friendly biological insecticides. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа, С 128. РИНЦ</p> |
| 24 | <p>Igolkina A.A., Bazykin G.A., Chizhevskaya E.P., Provorov N.A., Andronov E.E. The Evolutionary Moulding In Plant-Microbial Symbiosis: Matching Population Diversity Of Rhizobial <i>NodA</i> and Legume <i>NFR5</i> Genes // статья в открытом архиве № 285882 22.03.2018 BioRxiv. Preprint Server for Biology. Cold Spring Harbor Laboratory. https://doi.org/10.1101/285882</p> |
| 25 | <p>Igolkina, A.A., Grekhov, G.A., Pershina, E.V., Samosorov, G.G., Leunova, V.M., Semenov, A.N., Baturina, O.A., Kabilov, M.R., Andronov, E.E. Identifying components of mixed and contaminated soil samples by detecting specific signatures of control 16S rRNA libraries. // Ecological Indicators, 2018, Volume 94, PP. 446-453. DOI: 10.1016/j.ecolind.2018.06.060 SCOPUS id=2-s2.0-85049732972 SJR 2017 1.406 Impact factor - 3.983 Квартиль Q1 Цитируемость - 0 SCOPUS</p> |
| 26 | <p>Igolkina A.A., Porozov Y.B., Chizhevskaya E.P., Andronov E.E. Structural Insight into the Role of Mutual Polymorphism and Conservatism in the Contact Zone of the <i>NFR5-K1</i> Heterodimer with the NOD Factor. // Frontiers in Plant Science. 2018. T. 9. № FEB. С. 344. DOI: 10.3389/fpls.2018.00344. Идентификационный номер: WOS:000429642000001 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85045478235 Идентификатор PubMed: 29706972 Impact factor - 3.677</p> |

| | |
|----|---|
| | <p>SCOPUS SJR 2017 1.731 Квартиль Q1 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS</p> |
| 27 | <p>Ilyina L., Dubrovin A., Filippova V., Yildirim E., Novikova N., Laptev G., Kochish I., Dmitrieva M., Novikova O. Influence of the phytobiotic additive on weight parameters, microbiome balance and immune response in broiler chickens. / The XVth European Poultry Conference. Conference Information and Proceedings. World's Poultry Science Association, Croatian Branch. 2018. С. 525.</p> |
| 28 | <p>Iлина, E.L., Kiryushkin, A.S., Semenova, V.A., Demchenko, N.P., Pawlowski, K., Demchenko, K.N. Lateral root initiation and formation within the parental root meristem of Cucurbita pepo: is auxin a key player? // Annals of Botany, 2018. Volume 122, Issue 5, Pages 873-888. DOI: 10.1093/aob/mcy052 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85056287281 Идентификатор PubMed: 29684107 SCOPUS SJR 2017 1.721 Impact Factor - 4.041 Квартиль Q1 SCOPUS</p> |
| 29 | <p>Ismailov T., Gogoleva N., Mironichewa A., Balkin A., Belimov A.A., Kovtunov Y., Gogolev Y. Transcriptome Analysis of the Abscisic Acid Metabolizing Rhizobacteria. // FEBS Open Bio. 2018. Т. 8. № S1. С. 471. DOI нет Идентификационный номер: WOS:000437674105195 2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 WoS</p> |
| 30 | <p>Ivanova E., Karpova D., Pershina E., Mitireva E., Andronov E. Prokaryotic communities in soil chronosequences of Kursk magnetic anomaly minind area / "The Soil Resources and Environment Conservation", Book of abstracts. Soil Science Society of Kazakhstan Cooperation with the Federation of Eurasian Soil Science Societies, U.U. Uspanov Institute of Soil Science and agrochemisry. 2018. С. 136.</p> |
| 31 | <p>Kirienko A.N., Porozov Y.B., Malkov N.V., Akhtemova G.A., Le Signor C., Thompson R., Saffray C., Dalmais M., Bendahmane A., Tikhonovich I.A., Dolgikh E.A. Role of a receptor-like kinase K1 in pea Rhizobium symbiosis development //PLANTA, 2018, Том 248, Выпуск 5, СС. 1101-1120. DOI: 10.1007/s00425-018-2944-4 Идентификационный номер: WOS:000447030900005 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85050610286 Идентификатор PubMed: 30043288 Impact Factor 3.249 Квартиль Q1 Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований SCOPUS : 0 WoS SCOPUS</p> |
| 32 | <p>Kliukova M.S., Afonin A.M., Zhukov V.A., Tikhonovich I.A. Identification of sequences coding NCR peptides in pea (<i>Pisum sativum</i> L.) transcriptome databases. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа. С.40</p> |

| | |
|-----------|---|
| | РИНЦ |
| 33 | Kliukova M., Afonin A., Kulaeva O., Zhernakov A., Zhukov V., Tikhonovich I.. Identification and characterization of novel proteins belonging to the NCR family in pea (<i>Pisum sativum</i> L). Abstract book of the 13th European Nitrogen Fixation Conference (ENFC). Stockholm, Sweden, 18 - 21 August 2018, P.16. |
| 34 | Kliver S., Rayko M., Komissarov A., Bakin E., Zhernakova D., Brukhin V., Prasad K., Rushworth C., Baskar R., Smetanin D., Grossniklaus U., Schmutz J., Rokhsar D.S., Mitchell-Olds T. Assembly of the <i>Boechera retrofracta</i> genome and evolutionary analysis of apomixis-associated genes. // <i>Genes</i> . 2018. Т. 9. № 4. С. 185. DOI: 10.3390/genes9040185 Идентификационный номер: WOS:000435182200013 Идентификатор PubMed: 29597328 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85045114411 Impact Factor - 3.191 SCOPUS SJR 2017 - 1.820 Квартиль Q2 Цитируемость - 1 WoS SCOPUS |
| 35 | Kosolapova A., Belousov M.V., Belousova M., Antonets K.S., Shtark O.Yu., Vasilyeva E., Nizhnikov A.A. Identification of Amyloid-Forming Proteins in the Proteome of <i>Rhizobium leguminosarum</i> . // <i>FEBS Open Bio</i> . 2018. Т. 8. № S1. С. 402. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674104288 2017/2018 Impact Factor -1.782 Цитируемость - 0 Квартиль Q4 WoS |
| 36 | Korvigo, I. , Afanasyev, A. , Romashchenko, N. , Skoblov, M. Generalising better: Applying deep learning to integrate deleteriousness prediction scores for whole-exome SNV studies. // PLoS ONE , 2018. Volume 13, Issue 3 Идентификационный номер WOS:000427446400018 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85043772279 Идентификатор PubMed: 29538399 Impact Factor - 2.766 Квартиль Q1 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS |
| 37 | Korvigo, I., Holmatov, M., Zaikovskii, A., Skoblov, M. Putting hands to rest: efficient deep CNN-RNN architecture for chemical named entity recognition with no hand-crafted rules. // <i>Journal of Cheminformatics</i> , 2018. Volume 10, Issue 1, Номер статьи 28. DOI: 10.1186/s13321-018-0280-0 SCOPUS id=2-s2.0-85047534001 SCOPUS SJR 2017 - 1.203 Impact Factor - 3.893 Квартиль Q1 |

| | |
|-----------|---|
| | <p>Цитируемость - 0</p> <p>SCOPUS</p> |
| 38 | <p>Leppyanen, I.V.; Shakhnazarova, V.Y.; Shtark, O.Y.; Vishnevskaya, N.A.; Tikhonovich, I.A.; Dolgikh, E.A. Receptor-Like Kinase LYK9 in Pisum sativum L. Is the CERK1-Like Receptor that Controls Both Plant Immunity and AM Symbiosis Development // International Journal of Molecular Sciences, 2018. - Том: 19, Выпуск: 1. - Номер статьи: 8. DOI: 10.3390/ijms19010008 Идентификационный номер: WOS:000424407200008 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85039698638 Идентификатор PubMed: 29267197 Импакт-фактор 3.687 Квартиль Q2 Количество цитирований:3 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований в SCOPUS: 3 WoS SCOPUS</p> |
| 39 | <p>Magne K, Couzigou JM, Schiessl K, Liu S, George J, Zhukov V, Sahl L, Boyer F, Iantcheva A, Mysore KS, Wen J, Citerne S, Oldroyd GED, Ratet P. MtNODULE ROOT1 and MtNODULE ROOT2 are essential for indeterminate nodule identity // Plant Physiol. 2018. V. 178. N.1. P. 295-316. http://www.plantphysiol.org/content/178/1/295.long DOI: https://doi.org/10.1104/pp.18.00610 Идентификационный номер: WOS:0004444004100024 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85054588891 Идентификатор PubMed: 30026291 Квартиль Q1 Импакт-фактор 2.833 JCR 2018= 5.949 Цитируемость 0 WoS SCOPUS</p> |
| 40 | <p>Matveeva T.V., Provorov N.A., Valkonen Ja. Cooperative Adaptations and Evolution in Plant-Microbe Systems. // Frontiers in Plant Science. 2018. T. 9. № JUL. C. 1090. DOI: 10.3389/fpls.2018.01090 Идентификационный номер: WOS:000441507200002 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85054491086 Идентификатор PubMed: 30154804 Impact Factor – 3.677 Квартиль Q1 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS</p> |
| 41 | <p>Matveeva T., Provorov N., Valkonen J.P.T., eds. (2018). Cooperative adaptations and evolution in plant-microbe systems. Lausanne: Frontiers Media. doi: 10.3389/978-2-88945-599-7. ISBN 978-2-88945-599-7. Электронная зарубежная монография.</p> |
| 42 | <p>Mironicheva A., Gogoleva N., Nikolaichik Y., Khlopko Y., Safronova V.I., Ermekkaliev T., Belimov A.A., Gogolev Y. Genetic and Physiological Characteristics of the Abscisic Acid Metabolizing Rhizobacteria. // FEBS Open Bio. 2018. T. 8. № S1. C. 471. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674105194</p> |

| | <p>2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS</p> | | | | | | | | |
|--------------------------------|--|----------------|----------------------|------------------------|-----------|---------------------|-----------|--------------------------------|-----------|
| 43 | <p>Moskalenko, S.; Danilov, L.; Likholetova, D.; Belousov, M.; Matveenکو, A., ; Zhouravleva, G.; Bondarev, S. Human Nucleoporin Nup11 Forms Amyloid-Like Aggregates // FEBS OPEN BIO. 2018. Том: 8 Стр.: 411-411. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674105002 2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS</p> | | | | | | | | |
| 44 | <p>Nizhnikov A.A., Antonets K.S., Onishchuk O.P., Kurchak O.N., Volkov K., Lykholay A., Andreeva E., Andronov E.E., Pinaev A.G., Provorov N.A. Host-Specific Reorganization of the <i>Sinorhizobium meliloti</i> Bacteroids Proteomes. // FEBS Open Bio. 2018. Т. 8. № S1. С. 461. DOI нет. Идентификационный номер: WOS:000437674105166 2017/2018 Impact Factor -1.782 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS</p> | | | | | | | | |
| 45 | <p>Nizhnikov A.A., Belousova M.E., Belousov M.V., Shtark O.Yu., Kosolapova A.O., Antonets K.S. Novel mechanism of protein storage in plant seeds. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа. С. 59. РИНЦ</p> | | | | | | | | |
| 46 | <p>Pershina E.V., Ivanova E.A., Abakumov E.V., Andronov E.E. The Impacts of Deglaciation and Human Activity on the Taxonomic Structure of Prokaryotic Communities in Antarctic Soils on King George Island. //Antarctic Science. 2018. Т. 30. № 5. С. 278-288. DOI: 10.1017/S095410201800024X. Идентификационный номер: WOS:000446442500003</p> <table border="1" data-bbox="347 1384 1011 1615"> <thead> <tr> <th>Категория® JCR</th> <th>Квартиль в категории</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>ENVIRONMENTAL SCIENCES</td> <td>Q3</td> </tr> <tr> <td>GEOGRAPHY, PHYSICAL</td> <td>Q4</td> </tr> <tr> <td>GEOSCIENCES, MULTIDISCIPLINARY</td> <td>Q3</td> </tr> </tbody> </table> | Категория® JCR | Квартиль в категории | ENVIRONMENTAL SCIENCES | Q3 | GEOGRAPHY, PHYSICAL | Q4 | GEOSCIENCES, MULTIDISCIPLINARY | Q3 |
| Категория® JCR | Квартиль в категории | | | | | | | | |
| ENVIRONMENTAL SCIENCES | Q3 | | | | | | | | |
| GEOGRAPHY, PHYSICAL | Q4 | | | | | | | | |
| GEOSCIENCES, MULTIDISCIPLINARY | Q3 | | | | | | | | |
| 47 | <p>Pershina E.V., Ivanova E.A., Korvigo I.O., Chirak E.L., Provorov N.A., Andronov E.E., Abakumov E.V., Sergaliev N.H. Investigation of the Core Microbiome in Main Soil Types from the East European Plain. // The Science of the Total Environment. 2018. Т. 631. С. 1421-1430. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2018.03.136 Идентификационный номер: WOS:000432471900141 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85043779470 Идентификатор PubMed: 29727966 Impact Factor - 4.61 SCOPUS SJR - 1.546 Квартиль Q1 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS</p> | | | | | | | | |

| | | | |
|----------------|--|----------------|----------------------|
| 48 | <p>Pinevich A.V., Pinevich A.A., Dmitrieva H.Y., Andronov E.E., Pershina E.V. Testing Culture Purity in Prokaryotes: Criteria and Challenges.// Antonie van Leeuwenhoek. 2018. Том: 111 Выпуск: 9 Стр.: 1509-1521. Epub 2018 Feb 27. DOI: 10.1007/s10482-018-1054-4. Идентификационный номер: WOS:000441729300002 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85042618880 Идентификатор PubMed: 29488181 Impact Factor 1.588 Квартиль Q4 Цитируемость – 0 WoS SCOPUS</p> | | |
| 49 | <p>Pirmagomedov R., Blinnikov M., Amelyanovich A., Glushakov R., Loskutov S., Koucheryavy A., Kirichek R., Bobrikova E. IoT Based Earthquake Prediction Technology //18th International Conference on Next Generation Wired/Wireless Networking (NEW2AN), and 11th Conference on Internet of Things and Smart Spaces (ruSMART) conference proceedings. 2018. С. 535-546.</p> | | |
| 50 | <p>Pishchik V.N., Vorobyev N.I., Ostankova Yu.V., Semenov A.V., Areg A. T., Popov A.A., Khomyakov Y.V., Udalova O.R., Shibanov D.V., Vertebny V.E., Dubovitskaya V.I., Sviridova O.V., Walsh O. S. and Shafian S. Impact of <i>Bacillus subtilis</i> on Tomato Plants Growth and Some Biochemical Characteristics under Combined Application with Humic Fertilizer. // International Journal of Plant & Soil Science, 2018. Т. 22, № 6. P. 1-12. DOI : 10.9734/IJPSS/2018/41148 Импакт-фактора и квартиля нет.</p> | | |
| 51 | <p>Provorov, N.A. Symbiogenesis as Evolution of Open Genetic Systems (Review) // Russian Journal of Genetics. Volume 54, Issue 8, 1 August 2018, Pages 888-896. DOI: 10.1134/S1022795418080100 Идентификационный номер: WOS:000442625600002 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85052080199 Impact Factor - 0.505 SCOPUS SJR 2017 - 0.207 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS</p> | | |
| 52 | <p>Puhalsky Y.V., Shaposhnikov A.I., Azarova T.S., Loskutov S.I., Belimov A.A. Relationships between accumulation heavy metals and roots exudation of organic acids in <i>Pisum sativum</i> L. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа / отв. ред. И.А. Тихонович – 2018, С.65. РИНЦ</p> | | |
| 53 | <p>Raheem A., Shaposhnikov A., Belimov A.A., Ian C. Dodd I.C., Ali B. Auxin production by rhizobacteria was associated with improved yield of wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) under drought stress. // Archives of Agronomy and Soil Science, 2018, Том 64, №4, https://doi.org/10.1080/03650340.2017.1362105 Идентификационный номер: WOS:000427050800010 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85027123207 Квартили: <table border="1" data-bbox="347 2000 791 2045"> <tr> <td>Категория® JCR</td> <td>Квартиль в категории</td> </tr> </table> </p> | Категория® JCR | Квартиль в категории |
| Категория® JCR | Квартиль в категории | | |

| | | | | | |
|--------------|---|----------|----|--------------|----|
| | <table border="1"> <tr> <td>AGRONOMY</td> <td>Q1</td> </tr> <tr> <td>SOIL SCIENCE</td> <td>Q2</td> </tr> </table> <p>2017 Impact Factor. 2.254 SCOPUS SJR 2017 - 0.598 Количество цитирований в Web of Science Core Collection: 4 Количество цитирований в SCOPUS - 7 WoS SCOPUS</p> | AGRONOMY | Q1 | SOIL SCIENCE | Q2 |
| AGRONOMY | Q1 | | | | |
| SOIL SCIENCE | Q2 | | | | |
| 54 | <p>Ryzhova, T.A.; Sopova, J.V.; Zadorsky, S.P.; Siniukova, V.A.; Sergeeva, A.V.; Galkina, S.A.; Nizhnikov, A.A.; Shenfeld, A.A.; Volkov, K.V.; Galkin, A.P. Screening for amyloid proteins in the yeast proteome. // Current Genetics, 2018. Том: 64 Выпуск: 2 Стр.: 469-478. DOI: 10.1007/s00294-017-0759-7 Идентификационный номер: WOS:000427363900018 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85031416256 Идентификатор PubMed: 29027580 Impact Factor - 3.574 SCOPUS SJR 2017 - 1.555 Квартиль Q2 Цитируемость – 3 WoS SCOPUS</p> | | | | |
| 55 | <p>Safronova V.I., Belimov A.A., Sazanova A., Chirak E., Verkhovina A., Kuznetsova I.G., Andronov E.E., Pukhalsky Ya.V., Tikhonovich I.A. Taxonomically Different Co-Microsymbionts of a Relict Legume <i>Oxytropis Popoviana</i> Have Complementary Sets of Symbiotic Genes and Together Increase the Efficiency of Plant Nodulation // Molecular Plant-Microbe Interactions, 2018, Том 31, Выпуск 8, СС. 833-841. DOI: 10.1094/MPMI-01-18-0011-R. Идентификационный номер: WOS:000439338300007 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85050522555 Идентификатор PubMed: 29498565 Impact Factor 3.588 Квартили Категория® JCR BIOCHEMISTRY & MOLECULAR BIOLOGY – Q2 BIOTECHNOLOGY & APPLIED MICROBIOLOGY – Q2 PLANT SCIENCES – Q1</p> <p>Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований SCOPUS : 0 WoS SCOPUS</p> | | | | |
| 56 | <p>Safronova V.I., Sazanova A.L., Kuznetsova I.G., Belimov A.A., Andronov E.E., Chirak E.R., Popova J.P., Verkhovina A.V., Willems A., Tikhonovich I.A. <i>Phyllobacterium zundukense</i> sp nov., a novel species of rhizobia isolated from root nodules of the legume species <i>Oxytropis triphylla</i> (Pall.) Pers. // International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2018, Том 68, Выпуск 5 СС. 1644-1651. DOI:10.1099/ijsem.0.002722. Идентификационный номер: WOS:000433171000037 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85046553057 Идентификатор PubMed: 29620492 2017/2018 Impact Factor : 1.932 SCOPUS SJR 2017 - 0.943</p> | | | | |

| | <p>Квартиль Q3 Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований SCOPUS : 0 WoS SCOPUS</p> | | | | | | |
|----------------|--|----------------|----------------------|--------------|-----------|----------------|-----------|
| 57 | <p>Samorodova A.P., Tvorogova V.E., Tkachenko A.A., Potsenkovskaya E.A., Lebedeva M.A., Tikhonovich I.A., Lutova L.A. Agrobacterial Tumors Interfere with Nodulation and Demonstrate the Expression of Nodulation-Induced Cle Genes in Pea // Journal of Plant Physiology. 2018. Т. 221. С. 94-100. DOI: 10.1016/j.jplph.2017.12.005 Идентификационный номер: WOS:000424760300012 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85038263590 Идентификатор PubMed: 29268087 Импакт-фактор 2.833 SJR 2017 – 0.856 Квартиль Q1 Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) WoS SCOPUS</p> | | | | | | |
| 58 | <p>Semenov M.V., Chernov T.I., Tkhakakhova A.K., Zhelezova A.D., Ivanova E.A., Kolganova T.V., Kutovaya O.V. Distribution of Prokaryotic Communities throughout the Chernozem Profiles under Different Land Uses for over a Century. // Applied Soil Ecology. 2018. Т. 127. С. 8-18. DOI: 10.1016/j.apsoil.2018.03.002 Идентификационный номер: WOS:000430427000002 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85043254938 Impact Factor - 2.916 SJR 2017 - 1.104 Квартиль Q1 Цитируемость – 0 WoS SCOPUS</p> | | | | | | |
| 59 | <p>Serova T.A., Tsyganova A.V., Tsyganov V.E. Early nodule senescence is activated in symbiotic mutants of pea (<i>Pisum sativum</i> L.) forming ineffective nodules blocked at different nodule developmental stages. //Protoplasma. 2018. Т. 255. № 5. С. 1443-1459. DOI: 10.1007/s00709-018-1246-9. Идентификационный номер: WOS:000442727200016 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85044732978 Идентификатор PubMed: 29616347 Impact Factor - 2.457 SJR 2017 - 0.834</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>Категория® JCR</th> <th>Квартиль в категории</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>CELL BIOLOGY</td> <td>Q3</td> </tr> <tr> <td>PLANT SCIENCES</td> <td>Q2</td> </tr> </tbody> </table> <p>Цитируемость в WoS - 0 WoS SCOPUS</p> | Категория® JCR | Квартиль в категории | CELL BIOLOGY | Q3 | PLANT SCIENCES | Q2 |
| Категория® JCR | Квартиль в категории | | | | | | |
| CELL BIOLOGY | Q3 | | | | | | |
| PLANT SCIENCES | Q2 | | | | | | |
| 60 | <p>Shaposhnikov A.I., Strunnikova O.K., Makarova N.M., Vishnevskaya N.A.,</p> | | | | | | |

| | |
|----|--|
| | <p>Shakhnazarova V. Yu., Belimov A.A. Effect of sugars root exudation on the intensity of development of root rot in plants of wheat and barley // Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., Уфа / отв. ред. И.А. Тихоновича – 2018, с.255.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 61 | <p>Shcherbakova E.N., Shcherbakov A.V., Rots P.Yu., Gonchar L.N., Mulina S.A., Yahina L.M., Lactionov Yu.V., Chebotar V.K. Inoculation technology for legumes based on alginate encapsulation. // Agronomy Research. 16(X), xxx-ccc, 2018 https://doi.org/10.15159/AR.18.186</p> <p>SJR 2017 - 0,377</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - нет</p> <p>В SCOPUS статья пока не размещена.</p> |
| 62 | <p>Shevchenko V.P., Nagaev I.Yu., Shaposhnikov A.I., Shevchenko K.V., Belimov A.A., Batasheva S.N., Gogoleva N.E., Gogolev Yu.V., Academician Myasoedov N.F.. Synthesis and testing of abscisic acid with predominant replacement of protium atoms by tritium in the cyclohexene moiety. Doklady Chemistry, 2018, Том 483, № 1, 268–271. DOI: 10.1134/S0012500818110113</p> <p>Impact Factor. 0.580.</p> <p>В SCOPUS пока не размещен. (Последний размещенный номер 482).</p> |
| 63 | <p>Shtark O., Avdeeva G., Puzanskiy R., Kliukova M., Yurkov A., Zhukov V., Shishova M., Physiological and biochemical responses of pea to inoculation with the arbuscular mycorrhizal fungus Rhizophagus irregularis. /Abstract book of 9th International Symbiosis Society Congress, Corvallis, Oregon, USA, July 15-20, 2018. P. 83</p> |
| 64 | <p>Strunnikova O., Vishnevskaya N., Shakhnazarova V., Lentsman N. Development of two strains of Fusarium culmorum with a different aggressiveness in the soil and on the roots of barley of two genotypes. // European Journal of Plant Pathology, 2018, №151, CC. 579–592. doi.org/10.1007/s10658-017-1396-1</p> <p>Идентификационный номер: WOS:000433964000002</p> <p>Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85038128621</p> <p>Impact Factor -1.466</p> <p>SCOPUS SJR 2017 - 0.721</p> <p>Квартиль Q2</p> <p>Цитируемость – 0</p> <p>WoS SCOPUS</p> |
| 65 | <p>Tsyganova A.V., Kitaeva A.B., Tsyganov V.E. Cell differentiation in nitrogen-fixing nodules hosting symbiosomes. // Functional Plant Biology. 2018. Т. 45. № 1-2. С. 47-57.</p> <p>DOI: 10.1071/FP16377</p> <p>Идентификационный номер: WOS:000419097200004</p> <p>Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85040179170</p> <p>Impact Factor - 2.083</p> <p>SCOPUS SJR 2017 - 1.067</p> <p>Квартиль Q2</p> <p>Цитируемость в Web of Science Core Collection -3</p> <p>Цитируемость в SCOPUS – 5</p> <p>WoS SCOPUS</p> |
| 66 | <p>Tsyganova A.V., Tsyganov V.E. Plant Genetic Control over Infection Thread Development during Legume-Rhizobium Symbiosis. In: Everlon Cid Rigobelo (Ed.)</p> |

| | |
|--|--|
| | Symbiosis. IntechOpen, 2018. pp. 23-52. DOI: 10.5772/intechopen.70689 ISBN 978-1-78923-224-0. Монография (глава в зарубежной монографии) |
| 67 | Vasileva E., Afonin A., Akhtemova G., Zhukov V., Borisov A., Tikhonovich I. Cultivated endophytic bacteria from garden pea (<i>Pisum Sativum</i> L.) // 3rd Conference on Ecology of Soil Microorganisms. Helsinki, Finland, 17–21 June 2018 P.199 |
| 68 | Vasileva E., Afonin A., Akhtemova G., Zhukov V., Borisov A., Tikhonovich I. CULTIVATED ENDOPHYTIC BACTERIA FROM LEAVES AND STEMS OF GARDEN PEA (<i>PISUM SATIVUM</i> L.) // 13th European Nitrogen Fixation Conference (ENFC) Conference. Stockholm, Sweden, 18 - 21 August 2018 P. 208 |
| 69 | Vorobyov NI, Andronov TT, Pukhalsky YaV, Sviridova OV, Pishchik VN. Fractal models for assessing the functional diversity of organized soil microbial communities / Abstracts of the conference \Information Technologies in the Research of Biodiversity" (BIT - 2018). Irkutsk: ISDCT SB RAS, 2018. P. 62-63. |
| 70 | Yakobi L.M., Zheleznyakov S.V., Kozhemyakov A.P. Morphological description of non-effective arbuscular mycorrhiza developed by plant mutant (<i>Medicago lupulina</i> L. subsp. <i>vulgaris</i> Koch.) in association with <i>Rhizophagus irregularis</i> . // Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 "Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего" Материалы Международной научной конференции. 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, 2018. С. 35. РИНЦ |
| 71 | Zdyb, A.; Salgado, M.G.; Demchenko, K.N.; Brenner, W.G.; Plaszczyca, M.; Stumpe, M.; Herrfurth, C.; Feussner, I.; Pawlowski, K. Allene Oxide Synthase, Allene Oxide Cyclase and Jasmonic Acid Levels in <i>Lotus japonicus</i> Nodules. // PLOS ONE, 2018, Том: 13, Выпуск: 1, Номер статьи: e0190884. DOI: 10.1371/journal.pone.0190884 Идентификационный номер: WOS:000419403800135 Идентификатор PubMed: 29304107 SCOPUS id=2-s2.0-85040050270 2017/2018 Impact Factor - 2.766 SJR 2017 - 1.164 Цитируемость в SCOPUS – 1, в WoS - 0 WoS SCOPUS |
| 72 | Zhukov V., Mamontova T., Ihling C., Afonin A., Soboleva A., Akhtemova G., Shtark O., Zhernakov A., Lukasheva E., Sulima A., Borisov A., Sinz A., Frolov A., Tikhonovich I. THE EFFECT OF NODULATION AND MYCORRHIZATION ON PEA (<i>PISUM SATIVUM</i> L.) SEED PROTEOME // 13th European Nitrogen Fixation Conference (ENFC) Conference. Stockholm, Sweden, 18 - 21 August 2018 P. 60 |
| ПУБЛИКАЦИИ В ОТЕЧЕСТВЕННЫХ ИЗДАНИЯХ | |
| 73 | Абакумов Е.В., Першина Е.А., Иванова Е.А., Андронов Е.Е. Микробиом почв карьерно-отвалных комплексов Ямала. /Сборник материалов Всероссийской |

| | |
|----|--|
| | <p>научной конференции с международным участием, посвященной 50-летию Института почвоведения и агрохимии СО РАН «Почвы в биосфере». 2018. С. 287-289.</p> |
| 74 | <p>Антонец К.С., Белоусова М.Е., Белоусов М.В., Штарк О.Ю., Косолапова А.О., Нижников А.А. Амилоидные белки растений: факты и перспективы для биотехнологии. / Материалы международного форума «Биотехнология: состояние и перспективы развития». Москва, 2018. С. 586-588.</p> |
| 75 | <p>Антонец К.С., Онищук О.П., Курчак О.Н., Волков К.В., Лыхолой А.Н., Андреева Е.А., Андронов Е.Е., Пинаев А.Г., Проворов Н.А., Нижников А.А. Протеомный профиль бактерии <i>Sinorhizobium meliloti</i> зависит от ее жизненной формы и от вида растения-хозяина. // Молек. биол. 2018. Т. 52. № 5. С. 898–904. DOI: 10.1134/S0026898418050038 Импакт-фактор РИНЦ - 0,945 ПЕРЕВОД Proteomic Profile of the Bacterium <i>Sinorhizobium meliloti</i> Depends on Its Life Form and Host Plant Species Автор: Antonets, K. S.; Onishchuk, O. P.; Kurchak, O. N.; с соавторами.//MOLECULAR BIOLOGY, Том: 52, Выпуск: 5, Стр.: 779-785 DOI: 10.1134/S0026893318050035 Идентификационный номер: WOS:000447756200015 Impact Factor английской версии = 0.977 Квартиль Q4 WoS</p> |
| 76 | <p>Архипченко И.А., Орлова О.В., Жигунов А.В., Шабунин Д.А., Брюханов А.Ю. Органическая фракция ТКО как основа для получения почвогрунтов // Твердые бытовые отходы, 2018. - №5, С. 19-21 Импакт-фактор РИНЦ - 0,090 РИНЦ</p> |
| 77 | <p>Афонин А.М., Сулима А.С., Васильева Е.Н., Масликова Т.И., Жуков В.А., Тихонович И.А. Генетические особенности бактерий, определяющие штаммовую специфичность взаимодействия мутантной линии Р61 гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.) с <i>Rhizobium leguminosarum</i>. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 "Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего", 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, 2018. С.94. РИНЦ</p> |
| 78 | <p>Белимов А.А., Шапошников А.И., Азарова Т.С., Макарова Н.М., Пухальский Я.В., Лоскутов С.И., Сексте Э.А., Сафронова В.И. Роль корневой экссудации низкомолекулярных органических веществ во взаимодействии растений с ризосферными бактериями в стрессовых условиях // Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки: материалы III Междунар. науч. конф., Ялта, 24-28 сентября 2018 г. / науч. ред. В.С. Паштецкий. – Симферополь: ИТ "АРИАЛ", 2018, с. 24-26. РИНЦ</p> |
| 79 | <p>Береговая Ю.В., Кротиков А.А., Шапкин В.М. Эффективность интродукции ризосферных бактерий с полифункциональными свойствами в агроценозы картофеля. // Вестник аграрной науки. 2018. № 3 (72). С. 3-10. DOI: 10.15217/issn2587-666X.2018.3.3 Импакт-фактор РИНЦ 2017 – нет</p> |

| | |
|----|---|
| | РИНЦ |
| 80 | <p>Береговая Ю.В., Тычинская И.Л., Петрова С.Н., Парахин Н.В., Пухальский Я.В., Макарова Н.М., Шапошников А.И., Белимов А.А. Сортовая специфичность эффектов ризобактерий в отношении азотфиксирующего симбиоза и минерального питания сои в условиях агроценоза. Сельскохозяйственная биология, 2018, Том 53, №5, СС. 977–993 doi: 10.15389/agrobiology.2018.5.977rus</p> <p>ПЕРЕВОД Beregovaya, Yu.V., Tychinskaya, I.L., Petrova, S.N., Parahin, N.V., Puhalsky, J.V., Makarova, N.M., Shaposhnikov, A.I., Belimov, A.A. Cultivar specificity of the rhizobacterial effects on nitrogen-fixing symbiosis and mineral nutrition of soybean under agrocenosis conditions. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018. Volume 53, Issue 5, Pages 977-993 DOI: 10.15389/agrobiology.2018.5.977rus Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85056910547 IF РИНЦ – 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 SCOPUS</p> |
| 81 | <p>Васильева Е.Н., Афонин А.М., Ахтемова Г.А., Жуков В.А., Борисов А.Ю., Тихонович И.А. Культивируемые эндофитные бактерии гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.) / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 "Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего", 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, 2018. С. 111.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 82 | <p>Васильева Е.Н., Афонин А.М., Ахтемова Г.А., Жуков В.А., Борисов А.Ю., Тихонович И.А. Ростстимулирующие эндофитные бактерии гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.) // Сборник тезисов 22-ой Международной Пушкинской школы-конференции молодых ученых «БИОЛОГИЯ - НАУКА XXI ВЕКА». Пушино, Москва, 23-27 апреля, 2018. С. 280</p> <p>РИНЦ</p> |
| 83 | <p>Васильева Е.Н., Афонин А.М., Ахтемова Г.А., Жуков В.А., Тихонович И.А. Исследование антимикробной активности NCR-пептидов гороха посевного (<i>P. sativum</i> L.) против растительных эндофитных бактерий р. <i>Bacillus</i> и <i>Rahnella</i> // Материалы VIII Международной научно-практической конференции «Биотехнология как инструмент сохранения биоразнообразия растительного мира (физиолого-биохимические, эмбриологические, генетические и правовые аспекты)», Ялта, Республика Крым, Россия, 01-05 октября 2018. С.208</p> |
| 84 | <p>Васильченко С.А., Метлина Г.В., Лактионов Ю.В. Влияние инокуляции семян штаммами ризоторфина на урожайность нута в южной зоне ростовской области. // Зерновое хозяйство России. 2018;(4):35-38. https://doi.org/10.31367/2079-8725-2018-58-4-35-38</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,404</p> <p>РИНЦ</p> |
| 85 | <p>Воробьев Н.И., Пухальский Ян.В., Белимов А.А., Пищик В.Н., Свиридова О.В., Толмачев С.Ю. Микробно-растительный сигналинг в условиях магнитного облучения / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 "Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего" Материалы</p> |

| | |
|----|--|
| | <p>Международной научной конференции. 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, 2018. С. 118 РИНЦ</p> |
| 86 | <p>Горбунова А.О., Крюков А.А., <u>Юрков А.П.</u> Морфологическая идентификация грибов подотдела Glomeromycotina. // Материалы IV (XII) Межд. Ботанической конф. молодых ученых в Санкт-Петербурге, 22-28 апреля 2018 г., Санкт-Петербург, 2018. С. 206-207. ПЕРЕВОД Gorbunova A.O., Kryukov A.A., Yurkov A.P. Morphological identification of fungi in subdivision Glomeromycotina. / In: Proceedings of IV (XII) International Botanical Conference of Young Scientists in Saint-Petersburg, April 22nd-28th, 2018. Saint Petersburg, Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, 2018. P. 206-207.</p> |
| 87 | <p>Горшков А.П., Цыганова А.В., Цыганов В.Е. Локализация пероксида водорода в клубеньках гороха / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, С. 126. РИНЦ</p> |
| 88 | <p>Гришина Т.В., Билова Т.Е., Мамонтова Т.В., Лукашева Е.М., Чекина А.А., Романовская Е.В., Шумилина Ю.С., Чанцева В.В., Жуков В.А., Илинг К., Зинц А., Тихонович И.А., Фролов А.А. Изменения протеома клубеньков корней в ходе онтогенеза растений гороха. / «Клеточная биология и биотехнология растений» Тезисы докладов II Международной научно-практической конференции. Белорус. гос. ун-т, Ин-т леса НАН Беларуси; редкол.: И.И. Смолич (отв. ред.), В.В. Демидчик, В.Е. Падутов. 2018. С. 37-38. РИНЦ</p> |
| 89 | <p>Дмитракова Я.А., Абакумов Е.В., Першина Е.В., Иванова Е.А., Андронов Е.Е. Динамика растительного сообщества и микробиома хроносери посттехногенных почв в известняковом карьере в условиях рекультивации. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 3. С. 557-569. ПЕРЕВОД Dmitrakova, Ya.A., Abakumov, E.V., Pershina, E.A., Ivanova, E.A., Andronov, E.E. Dynamics of the plant community and microbiom of chrono-series of post-technological soil in limestone quarry in the conditions of recultivation. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018. 53(3), С. 557-569. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.3.557eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85051830779 IF РИНЦ – 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость – 0 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 90 | <p>Доброхотов С.А., Анисимов А.И., Рогозева У.Б., Яркулов Ф.Я., Гришечкина С.Д., Ермолова В.П. Биологическая система защиты белокочанной капусты от вредителей и болезней./ «Биологическая защита растений - основа стабилизации агроэкосистем». Материалы 10-й Международной научно-практической конференции. 11-14 сентября 2018 г. Краснодар С. 195-199. РИНЦ</p> |
| 91 | <p>Доброхотов С.А., Белимов А.А. Вынос элементов питания зерном озимой ржи</p> |

| | |
|----|--|
| | <p>при различных технологиях выращивания. / «Аграрная наука - сельскому хозяйству». Сборник материалов XIII Международной научно-практической конференции, посвященной 75-летию Алтайского ГАУ, в 2 кн. Барнаул, 15 - 16 февраля 2018 г. С. 282-284.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 92 | <p>Долгих Е.А., Леппянен И.В., Кириенко А.Н., Бовин А.В., Долгих А.В., Шахназарова В.Ю., Тихонович И.А. Роль хитоолигосахаридных сигнальных молекул в контроле симбиотических и патогенных взаимоотношений растений с микроорганизмами // Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа, / отв. ред. И.А.Тихонович. - С. 138. ISBN 978-5-6041302-1-6.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 93 | <p>Ермолова В.П., Гришечкина С.Д., Антоненц К.С. Выделение и идентификация культур <i>Bacillus thuringiensis</i> var. <i>thuringiensis</i> и var. <i>darmstadiensis</i>, а также методология оценки их патогенных свойств, селекции и хранения / Практическое руководство Изд-во: Оперативная полиграфия "БАМ". Санкт-Петербург, 2018. ISBN 978-5-9500388-6-0. 40 С.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 94 | <p>Ермолова В.П., Гришечкина С.Д., Нижников А.А. Активность энтомопатогенных штаммов-продуцентов <i>Bacillus thuringiensis</i> var. <i>israelensis</i> при разных методах хранения. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 1. С. 201-208.</p> <p>ПЕРЕВОД Ermolova, V.P., Grishechkina, S.D., Nizhnikov, A.A. Activity of insecticidal bacillus thuringiensis var. israelensis strains stored by various methods // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya. 2018. 53(1), С. 201-208. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.1.201eng Идентификатор id=2-s2.0-85044592716 IF РИНЦ - 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 ЦИТИРУЕМОСТЬ - 0</p> <p>SCOPUS РИНЦ</p> |
| 95 | <p>Жемакин С.В., Попов А.А., Свиридова О.В., Воробьев Н.И., Пищик В.Н. Особенности производства и применения микромицет-бактериального препарата для гумификации растительных остатков. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. С.148.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 96 | <p>Жернаков А.И., Кулаева О.А., Жуков В.А. F2BREED - НОВАЯ ПРОГРАММА ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ КАРТ ПРИ АНАЛИЗЕ НАСЛЕДОВАНИЯ В ПОПУЛЯЦИИ ПОКОЛЕНИЯ F2. // Генетика. 2018. Т. 54. № 1. С. 117-121.</p> <p>ПЕРЕВОД Zhernakov A.I., Kulaeva O.A., Zhukov V.A. F2BREED, A NEW PROGRAM FOR CONSTRUCTION OF GENETIC LINKAGE MAPS. // Russian Journal of Genetics. 2018. Т. 54. № 1. С. 117-120. DOI: 10.1134/S1022795418010143 Идентификационный номер: WOS:000424263400013 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85041388694 SCOPUS SJR 2017 - 0.207</p> |

| | |
|-----|--|
| | <p>Impact Factor - 0.505 Квартиль Q4 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 97 | <p>Жуков В.А., Афонин А.М., Жернаков А.И., Кулаева О.А., Сулима А.С., Тихонович И.А. Геномика и транскриптомика симбиотических систем, образуемых горохом посевным (<i>Pisum sativum</i> L.). // Материалы международного форума «Биотехнология: состояние и перспективы развития», Москва, 23 - 25 мая 2018 г. С. 26-28.</p> |
| 98 | <p>Зверев А.О., Шапкин В.М., Колесников Л.Е. Проявление антиоксидантной активности в клубеньках люцерны в разных условиях ее выращивания. / «Роль молодых учёных в решении актуальных задач АПК». Сборник по материалам международной научно-практической конференции молодых учёных. СПбГАУ, 2018. С. 13-16.</p> |
| 99 | <p>Зорин Е. А., Афонин А. М., Кулаева О. А., Тихонович И. А., Жуков В. А. Альтернативный сплайсинг в азотфиксирующих клубеньках гороха посевного. // Сборник тезисов 22-ой Международной Пущинской школы конференции молодых ученых «БИОЛОГИЯ-НАУКА XXI ВЕКА» Пущино, 23-27 апреля 2018 г., С. 121.</p> |
| 100 | <p>Зорин Е.А., Клюкова М.С., Афонин А.М., Жуков В.А., Тихонович И.А. Идентификация последовательностей NCR пептидов в собранном de novo “метатранскриптом” клубеньков <i>Pisum sativum</i> L. // Материалы VIII Международной научно-практической конференции «Биотехнология как инструмент сохранения биоразнообразия растительного мира (физиолого-биохимические, эмбриологические, генетические и правовые аспекты)», Ялта, Республика Крым, Россия, 01-05 октября 2018. С. 214.</p> |
| 101 | <p>Ибрахим И.М., Коннова С.А., Сигида Е.Н., Федоненко Ю.П., Сафронова В.И., Elbanna K.A. Галофильные и галотолерантные микроорганизмы – продуценты экзополисахаридов, выделенные из соленых озер Карун (Египет) и Эльтон (Россия). // Известия Саратовского Университета. Новая серия. Серия: Химия. Биология. Экология, 2018, выпуск 3, СС. 345 – 353. DOI: 10.18500/1816-9775-2018-18-3-345-353. РИНЦ</p> |
| 102 | <p>Иванов А.И., Лапа В.В., Ковалев Н.Г., Иванов И.А., Рабинович Г.Ю., Иванов Д.А., Иванова Ж.А., Конашенков А.А., Фрейдкин И.А., Фесенко М.А., Филиппов П.А., Серая Т.М., Богатырева Е.Н., Бирюкова О.М., Белявская Ю.А., Соколова Т.В., Алещенкова З.М., Картыжова Л.Е., Архипченко И.А. Производство, изучение и применение удобрений на основе птичьего помёта Санкт-Петербург, ФГБНУ АФИ, 2018. 317 С. Коллективная монография РИНЦ</p> |
| 103 | <p>Иванова Е.А., Першина Е.В., Кутовая О.В., Сергалиев Н.Х., Нагиева А.Г., Жиенгалиев А.Т., Проворов Н.А., Андронов Е.Е. Сравнительный анализ микробных сообществ контрастных почвенных типов в условиях различных фитоценозов. // Экология. 2018. № 1. С. 34-44. ПЕРЕВОД Ivanova E.A., Pershina E.V., Sergalieva N.K., Provorov N.A., Andronov E.E., Kutovaya O.V., Nagieva A.G., Zhiengaliev A.T. Comparative Analysis of Microbial Communities of Contrasting Soil Types in Different Plant Communities. // Russian Journal of Ecology. 2018. Т. 49. № 1. С. 30-39. DOI: 10.1134/S106741361801006X Идентификационный номер: WOS:000428623600004</p> |

| | |
|-----|--|
| | <p>Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85044587864 Impact Factor 0.439 SJR 2017 - 0.306 Квартиль Q4 Цитируемость – 0 WoS SCOPUS РИНЦ</p> |
| 104 | <p>Иванова К.А., Кулаева О.А., Кусакин П.Г., Цыганова А.В., Цыганов В.Е. Роль низкомолекулярных тиолов в процессах формирования и дифференцировки симбиотического клубенька гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.) / «Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды», Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых. В 2-х частях. 2018. С. 362-365.</p> |
| 105 | <p>Игнатов А.Н., Лазарев А.М., Панычева Ю.С., Проворов Н.А., Чеботарь В.К. Бактериальные патогены картофеля рода <i>Dickeya</i>: мини-обзор по систематике и этиологии заболеваний. <i>Сельскохозяйственная биология</i>, 2018, том 53, № 1, С. 123-131. ПЕРЕВОД Ignatov, A.N., Lazarev, A.M., Panycheva, J.S., Provorov, N.A., Chebotar, V.K. Potato phytopathogens of genus <i>Dickeya</i> - A mini review of systematics and etiology of diseases. // <i>Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya</i>, 2018, Volume 53, Issue 1, Pages 123-131. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.1.123eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85044610769 IF РИНЦ – 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 105 | <p>Ильина Л.А., Лайшев К.А., Йылдырым Е.А., Филиппова В.А., Дунышев Т.П., Дубровин А.В., Никонов И.Н., Новикова Н.И., Лаптев Г.Ю., Южаков А.А., Романенко Т.М., Вылко Ю.П. Сравнительный анализ бактериального сообщества рубца у молодых и взрослых особей <i>Rangifer tarandus</i> из арктических регионов России в летне-осенний период. // <i>Сельскохозяйственная биология</i>. 2018. Т. 53. № 2. С. 355-363. ПЕРЕВОД Ilina, L.A., Laishev, K.A., Yildirim, E.A., Filippova, V.A., Dunnyashev, T.P., Dubrowin, A.V., Nikonov, I.N., Novikova, N.I., Laptev, G.Yu., Yuzhakov, A.A., Romanenko, T.M., Vylko, Yu.P. Comparative analysis of rumen bacterial community of young and adult rangifer tarandus reindeers from Arctic regions of Russia in the summer-autumn period. // <i>Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya</i>, 2018, Volume 53, Issue 2, Pages 355-363. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.2.355eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85047736163 IF РИНЦ – 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 107 | <p>Ильина Л.А., Лаптев Г.Ю., Лайшев К.А., Йылдырым Е.А., Филиппова В.А., Новикова Н.И., Никонов И.Н., Дубровин А.В., Дунышев Т.П. Изучение</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>содержания микроорганизмов в рубце <i>Rangifer tarandus</i>. / В сборнике: Доклады ТСХА Материалы международной научной конференции. 2018. С. 174-176. РИНЦ</p> |
| 108 | <p>Йылдырым Е.А., Ильина Л.А., Лайшев К.А., Филиппова В.А., Дубровин А.В., Дуняшев Т.П., Лаптев Г.Ю., Никонов И.Н., Южаков А.А., Романенко Т.М., Вылко Ю.П. Распространение микотоксинов в кормах летнего пастбищного рациона <i>Rangifer tarandus</i> в арктической зоне России. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 4. С. 779-786. ПЕРЕВОД Yildirim, E.A., Ilina, L.A., Laishev, K.A., Filippova, V.A., Dubrowin, A.V. Mycotoxins diffusion in feeds of summer pasturing ration of rangifer tarandus in Arctic Zones of Russia. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018, Volume 53, Issue 4, Pages 779-786. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.4.779eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85052847079 IF РИНЦ - 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 109 | <p>Кимеклис А.К., Кузнецова И.Г., Сазанова А.Л., Сафронова В.И., Белимов А.А., Онищук О.П., Курчак О.Н., Аксёнова Т.С., Пинаев А.Г., Мусаев А.М., Андронов Е.Е., Проворов Н.А. Дивергентная эволюция симбиотических бактерий: ризобии реликтового бобового <i>Vavilovia formosa</i> формируют обособленную группу в пределах вида <i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. <i>Viciae</i>. // Генетика. 2018. Т. 54. № 7. С. 851-855. ПЕРЕВОД Kimeklis A.K., Kuznetsova I.G., Sazanova A.L., Safronova V.I., Belimov A.A., Onishchuk O.P., Kurchak O.N., Aksenova T.S., Pinaev A.G., Musaev A.M., Andronov E.E., Provorov N.A. Divergent Evolution of Symbiotic Bacteria: Rhizobia of the Relic Legume <i>Vavilovia formosa</i> Form an Isolated Group within <i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. <i>viciae</i>. Russian Journal of Genetics, 2018, Vol. 54, № 7, PP. 866–870. DOI: 10.1134/S1022795418070062 Идентификационный номер: WOS:000438828700013 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85049954715 SCOPUS SJR 2017 - 0.207 Impact Factor - 0.505 Квартиль Q4 Количество цитирований: 0 SCOPUS WoS РИНЦ</p> |
| 110 | <p>Кириенко А.Н., Долгих Е.А. Регуляция развития симбиотических структур при бобово-ризобииальном симбиозе с участием LYSM-рецептора K1. / «Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды». Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых. В 2-х частях. 2018. С. 406-409. РИНЦ</p> |
| 111 | <p>Китаева А.Б., Кусакин П.Г., Демченко К.Н., Цыганов В.Е. Методические особенности изучения тубулинового цитоскелета в клубеньках бобовых растений. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 3. С. 634-644. ПЕРЕВОД</p> |

| | |
|-----|--|
| | <p>Kitaeva, A.B., Kusakin, P.G., Demchenko, K.N., Tsyganov, V.E. Key methodological features of tubulin cytoskeleton studies in nodules of legume plants. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018, Volume 53, Issue 3, Pages 634-644.</p> <p>DOI: 10.15389/agrobiology.2018.3.634eng</p> <p>Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85051754798</p> <p>IF РИНЦ – 0,832</p> <p>SJR 2017 - 0.137</p> <p>Квартиль Q4</p> <p>Цитируемость - 0</p> <p>SCOPUS РИНЦ</p> |
| 112 | <p>Клюкова М.С., Афонин А.М., Жуков В.А., Тихонович И.А. Идентификация последовательностей, кодирующих NCR-пептиды у гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.). // Сборник тезисов 22-ой Международной Пущинской школы-конференции молодых ученых «БИОЛОГИЯ - НАУКА XXI ВЕКА». Пущино, Москва, 23-27 апреля, 2018 г., С. 257-258. РНФ (17-76-30016 и 16-16-00118).</p> |
| 113 | <p>Козлова А.П., Саксаганская А.С., Черкасова М.Е., Мунтян В.С., Румянцева М.Л. Структурное разнообразие гена синтеза ацильной цепи NOD-фактора клубеньковых бактерий люцерны / "Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии" Сборник тезисов XVIII Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева. 2018. С. 100-101.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 114 | <p>Колесников Л.Е., Новикова И.И., Попова Э.В., Белимов А.А., Прияткин Н.С., Колесникова Ю.Р. Совершенствование приемов биологической и фитоиммунологической защиты пшеницы для оптимизации фитосанитарного состояния агроценозов с использованием инструментальных методов агрофизики // Международная научно-практическая конференция «Современные технологии и средства защиты растений – платформа для инновационного освоения в АПК России». Материалы конференции 8–12 октября 2018 г., СПб – Пушкин., с. 87-88.</p> |
| 115 | <p>Колесников Л.Е., Шапкин В.М., Зверев А.О. Определение симбиотической активности штаммов клубеньковых бактерий люцерны (<i>Sinorhizobium meliloti</i>) в условиях солевого стресса. // Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. 2018. № 1 (50). С. 42-46.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 116 | <p>Косульников Ю.В., Лактионов Ю.В. О факторах, влияющих на токсичность протравителей семян для симбиотических азотфиксаторов в составе биопрепаратов // Сельскохозяйственная биология, 2018, том 53, № 5, с. 1037-1044 doi: 10.15389/agrobiology.2018.5.1037rus</p> <p>ПЕРЕВОД</p> <p>Kosulnikov, Yu.V., Laktionov, Yu.V. Factors which influence toxicity of legume seed disinfectants towards biologicals based on symbiotic nitrogen fixers. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018, Volume 53, Issue 5, Pages 1037-1044</p> <p>DOI: 10.15389/agrobiology.2018.5.1037rus</p> <p>Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85056878494</p> <p>IF РИНЦ – 0,832</p> <p>SJR 2017 - 0.137</p> <p>Квартиль Q4</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>Цитируемость - 0 SCOPUS</p> |
| 117 | <p>Круглов Ю.В., Курдюков Ю.Ф., Шубитидзе Г.В. Микробиологическая активность чернозема южного в зависимости от агротехнических приемов в засушливой степи Нижнего Поволжья. // Аграрный научный журнал. 2018. № 1. С. 20-23. Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,466 РИНЦ</p> |
| 118 | <p>Крюков А.А., Юрков А.П. Оптимизация процедуры молекулярно-генетической идентификации грибов арбускулярной микоризы в симбиотическую фазу на примере двух близкородственных штаммов. // Микология и фитопатология, 2018. Т.52. Вып.1. С. 38-48. Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,573 ПЕРЕВОД Kryukov, A.A., Yurkov, A.P. Optimization procedures for molecular-genetic identification of arbuscular mycorrhizal Fungi in symbiotic phase on the example of two closely kindred strains. // Mikologiya I Fitopatologiya, 2018, Volume 52, Issue 1, Pages 38-48. DOI нет. Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85052795178 SCOPUS SJR 2017 - 0.163 Квартиль Q4 Цитируемость - 1 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 119 | <p>Кузнецова И.Г., Сафронова В.И., Белимов А.А., Сазанова А.Л., Чирак Е.Р., Верховина А.В., Андронов Е.Е., Пухальский Я.В., Тихонович И.А. Два ризобийных ко-микросимбионта, выделенных из реликтового бобового <i>Oxytropis pioviana</i>, имеющих комплементарные наборы симбиотических генов и совместно повышающих эффективность нодуляции растений. /Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. С.173 РИНЦ</p> |
| 120 | <p>Кулаева О.А., Афонин А.М., Клюкова М.С., Жернаков А.И., Тихонович И.А., Жуков В.А. Транскриптомика как инструмент молекулярно-биологических исследований гороха посевного. / Материалы IV (XII) Международной ботанической конференции молодых учёных в Санкт-Петербурге 22–28 апреля 2018 года. С. 174-175.</p> |
| 121 | <p>Кусакин П.Г., Китаева А.Б., Цыганова А.В., Цыганов В.Е. Иммунолокализация цитокинина в клубеньках гороха /Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. С.177 РИНЦ</p> |
| 122 | <p>Лазарев А.М., Мысник Е.Н., Варицев Ю.А., Зайцев И.А., Кожемяков А.П., Попов Ф.А., Волгарев С.А., Чеботарь В.К. Ареалы и зоны вредоносности основных бактериозов растений на территории России и сопредельных стран. Под редакцией В.А. Павлюшина и И.Я. Гричанова. / Санкт-Петербург: ВИЗР, 2017, 136 с. (Приложения к журналу «Вестник защиты растений», №24). ISBN 978-5-9500388-3-9. Коллективная монография</p> |
| 123 | <p>Лактионов Ю.В., Кожемяков А.П. Новые аспекты получения и применения биопрепаратов для растениеводства / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 179.</p> |

| | |
|-----|--|
| | РИНЦ |
| 124 | Лактионов Ю.В., Косульников Ю.В., Дудникова Д.В. Влияние водорастворимых полимеров на выживаемость клубеньковых бактерий люпина (<i>Rhizobium lupini</i>). <i>Зерновое хозяйство России</i> . 2018;(3):17-26. https://doi.org/10.31367/2079-8725-2018-57-3-22-26 РИНЦ |
| 125 | Лактионов Ю.В., Ячно В.В., Кожемяков А.П. Новые подходы в культивировании и применении микробиологических препаратов для растениеводства. / <i>Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки»</i> , 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 38-39. РИНЦ |
| 126 | Леппянен И.В., Бовин А.Д., Долгих Е.А. Участие гетеротримерных g-белков в сигнальной регуляции взаимодействия растений гороха с симбиотическими и патогенными микроорганизмами. / «Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды». Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых. Иркутск, 10–15 июля 2018 г. – Иркутск: Изд-во Института географии им. В.Б. Сочавы СО РАН, В 2-х частях. 2018. Часть I. – С. 462-465. DOI: 10.31255/978-5-94797-319-8-462-465. РИНЦ |
| 127 | Леппянен И.В., Долгих В.В., Артамонова Т.О., Лопатин С.А., Ходорковский М.А., Тихонович И.А., Долгих Е.А. Получение терминально N-деацетилированных олигомеров хитозана с помощью рекомбинантной хитоолигосахариддеацетилазы NODB <i>Mesorhizobium loti</i> , продуцируемой <i>Escherichia coli</i> . // <i>Сельскохозяйственная биология</i> . 2018. Т. 53. № 1. С. 189-200. ПЕРЕВОД Leppyanen I.V., Dolgikh V.V., Artamonova T.O., Lopatin S.A., Khodorkovskii M.A., Tikhonovich I.A., Dolgikh E.A. Production of terminally N-deacetylated oligomers of chitosane using recombinant chitoooligosaccharide deacetylase nodB of bacteria mesorhizobium loti expressed in Escherichia coli // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya Volume 53, Issue 1, 2018, Pages 189-200. DOI: 10.15389/agrobiology.2018.1.189eng Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85044592629 IF РИНЦ – 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитирование SCOPUS: 0 SCOPUS РИНЦ |
| 128 | Леппянен И.В., Кириенко А.Н., Лобов А.А., Долгих Е.А. Дифференциальный протеомный анализ корней гороха на ранних этапах развития симбиоза с клубеньковыми бактериями. // <i>Вавиловский журнал генетики и селекции</i> . 2018. Т. 22. № 2. С. 196-204. ПЕРЕВОД Leppyanen, I.V.; Kirienko, A.N; Lobov, A.A.; Dolgikh, E.A. Differential proteome analysis of pea roots at the early stages of symbiosis with nodule bacteria. // <i>Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii</i> , 2018. Том: 22, Выпуск: 2. СС. 196-204 DOI: 10.18699/VJ18.347 |

| | |
|-----|--|
| | <p>Идентификационный номер: WOS:000432215300005 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85045919451 Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,440 Квартеля и SJR нет WoS SCOPUS РИНЦ</p> |
| 129 | <p>Лисина Т.О., Кононенко А.Н., Круглов Ю.В. Влияние <i>Bacillus megaterium</i> 501 GR на продуктивность семенного картофеля. / Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки: материалы III Междунар. науч. конф., Ялта, 24-28 сентября 2018 г. / науч. ред. В.С. Паштецкий. – Симферополь: ИТ "АРИАЛ", 2018, С. 40-41. РИНЦ</p> |
| 130 | <p>Лисина Т.О., Круглов Ю.В. Эффективность применения биопрепарата МЕГА-1 при выращивании овощных культур / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 182. РИНЦ</p> |
| 131 | <p>Масликова Т.И., Афонин А.М., Сулима А.С., Жуков В.А., Тихонович И.А. Характеристика новых штаммов клубеньковых бактерий, супрессирующих мутации в поздних симбиотических генах гороха посевного (<i>P. sativum</i>) / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 193. РИНЦ</p> |
| 132 | <p>Масликова Т.И., Афонин А.М., Сулима А.С., Жуков В.А. Характеристика новых штаммов клубеньковых бактерий, супрессирующих мутации в поздних симбиотических генах гороха посевного (<i>P. sativum</i>). // Материалы международной научной школы-конференции «Биология - наука XXI века», Пущино, 23-27 апреля 2018 г., С. 298.</p> |
| 133 | <p>Метлина Г.В., Васильченко С.А., Лактионов Ю.В., Кожемяков А.П. Влияние инокуляции препаратами на основе бактерий <i>Mesorhizobium ciceri</i> на продуктивность нута в южной зоне Ростовской области. // Зерновое хозяйство России. 2018; №2, СС. 1-7. https://doi.org/10.31367/2079-8725-2018-56-2-3-7 Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,404 РИНЦ</p> |
| 134 | <p>Мунтян А.Н., Мунтян В.С., Антонова Е.В., Румянцева М.Л. Оценка генетического разнообразия природных популяций <i>Melilotus spp.</i> на территориях, подвергшихся техногенному и антропогенному воздействию. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 201 РИНЦ</p> |
| 135 | <p>Мунтян В.С., Черкасова М.Е., Румянцева М.Л. Анализ структуры хромосом клубеньковых бактерий рода <i>Sinorhizobium spp</i> / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 202. РИНЦ</p> |
| 136 | <p>Мунтян В.С., Черкасова М.Е., Саксаганская А.С., Румянцева М.Л. Анализ коровых и акцессорных маркерных локусов у хозяйственно-ценных штаммов – симбионтов люцерны. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17</p> |

| | |
|-----|--|
| | июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 200. РИНЦ |
| 137 | Налиухин А.Н., Хамитова С.М., Глинушкин А.П., Авдеев Ю.М., Снетилова В.С., Лактионов Ю.В., Суров В.В., Силуянова О.В., Белозеров Д.А. Изменение метагенома прокариотного сообщества как показатель плодородия пахотных дерново-подзолистых почв при применении удобрений // Почвоведение. 2018. № 3. С. 331-337. Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 1,658 ПЕРЕВОД Changes in the Metagenome of Prokaryotic Community as an Indicator of Fertility of Arable Soddy-Podzolic Soils upon Fertilizer Application. Naliukhin A.N., Khamitova S.M., Glinushkin A.P., Avdeev Yu.M., Snetilova V.S., Laktionov Yu.V., Surov V.V., Siluyanov O.V., Belozеров D.A. //Eurasian Soil Science. 2018. Т. 51. № 3. С. 321-326. DOI: 10.1134/S1064229318030092 Идентификационный номер: WOS:000427595100007 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85044204083 Impact Factor. 0.667 SCOPUS SJR 2017 - 0.398 Квартиль Q4 Цитируемость в WoS - 1 Цитируемость в SCOPUS - 0 WoS SCOPUS РИНЦ |
| 138 | Нижников А.А., Белоусов М.В., Антонен К.С. Амилоиды бактерий: биологические роли и связь с патогенезом инфекционных болезней человека и животных. / Материалы международного форума «Биотехнология: состояние и перспективы развития». Москва, 2018. С. 127-128. РИНЦ |
| 139 | Никитенко Н.А., Мунтян В.С., Саксаганская А.С., Черкасова М.Е., Румянцева М.Л. Анализ структурного разнообразия гена NODM у природных штаммов <i>Sinorhizobium meliloti</i> / "Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии" Сборник тезисов XVIII Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева. 2018. С. 104-105. РИНЦ |
| 140 | Онищук О.П. Конкуренция ризобий за образование клубеньков: генетический контроль, эволюция и практическое значение. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 211. РИНЦ |
| 141 | Павлова О.Ю., Литвинович А.В., Лаврищев А.В., Шевченко Е.Е., Салаев И.В., Белимов А.А. Изучение почвенных растворов, вымываемых из мелиорированных дерново-подзолистых почв. //Агрохимия, 2018, №10, СС. 95-102. DOI: 10.1134/S0002188118100125 Импакт-фактор РИНЦ 2017 – 0.609 |
| 142 | Проворов Н.А., Эволюционная география клубеньковых бактерий: молекулярные, популяционные и генно-инженерные аспекты. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. |

| | |
|-----|--|
| | С. 215. РИНЦ |
| 143 | Проворов Н.А. Симбиогенез как эволюция генетических систем открытого типа. // Генетика. 2018. Т. 54. № 8. С. 879-889. ПЕРЕВОД Provorov N.A. Symbiogenesis as Evolution of Open Genetic Systems. // Russian Journal of Genetics. 2018. Т. 54. № 8. С. 888-896. DOI: 10.1134/S1022795418080100 Идентификационный номер: WOS:000442625600002 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85052080199 Impact Factor - 0.505 SJR 2017 - 0.207 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS РИНЦ |
| 144 | Проворов Н.А. Соотношение мутуализма и антагонизма в микробно-растительных взаимодействиях: концепция плейотропного симбиоза (доклад, посвященный памяти Ю.Т. Дьякова). / Материалы конфер. "Микология и альгология в России. XX – XXI век: смена парадигм". 17-19 ноября 2018 г. Москва, МГУ. С. 204-205. |
| 145 | Проворов Н.А., Онищук О.П. Микроорганизмы-симбионты насекомых: генетическая организация, адаптивное значение, эволюция. // Микробиология. 2018. Т. 87. № 2. С. 99-113. Импакт-фактор РИНЦ 2017 -1,489 ПЕРЕВОД Provorov N.A., Onishchuk O.P. Microbial symbionts of insects: genetic organization, adaptive role, and evolution. // Microbiology (Mikrobiologiya). 2018. Т. 87. № 2. С. 151-163. DOI: 10.1134/S002626171802011X Идентификационный номер: WOS:000428962200001 Идентификационный номер SCOPUS id=2-s2.0-85044825292 Impact Factor 0.855 SCOPUS SJR 2017 - 0.302 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 WoS SCOPUS РИНЦ |
| 146 | Проворов Н.А., Онищук О.П. Эволюционно-генетические основы симбиотической инженерии растений: мини-обзор. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 3. С. 464-474. ПЕРЕВОД Provorov, N.A., Onishchuk, O.P. Evolutionary-genetic bases for symbiotic engineering in plants — A mini review(Review) // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018, Volume 53, Issue 3, Pages 464-474 DOI: 10.15389/agrobiology.2018.3.464eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85051762435 IF РИНЦ - 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 Цитируемость - 0 SCOPUS |
| 147 | Проворов Н.А., Тихонович И.А., Андронов Е.Е. Эволюция бактериального |

| | |
|-----|---|
| | <p>генома в системе симбиоза. // Биотехнология. 2018 (спецвыпуск). С. 42.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 148 | <p>Проворов Н.А., Тихонович И.А., Воробьев Н.И. Симбиоз и симбиогенез / СПб.: Информ-Навигатор, 2018. 464 С. ISBN 978-5-906572-26-4 Монография</p> <p>РИНЦ</p> |
| 149 | <p>Пузанский Р.К., Емельянов В.В., Клюкова М.С., Шаварда А.Л., Штарк О.Ю., Юрков А.П., Шишова М.Ф. Оптимизация метода метаболомного профилирования люцерны хмелевидной и гороха посевного. // Прикладная биохимия и микробиология, 2018, том 54, № 4, СС. 427–434. DOI: 10.7868/S055510991804013X.</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,954</p> <p>ПЕРЕВОД</p> <p>Puzanskiy R.K., Yemelyanov V.V., Kliukova M.S., Shavarda A.L., Shtark O.Yu., Yurkov A.P., Shishova M.F. Optimization of metabolite profiling for black medick (<i>Medicago lupulina</i>) and peas (<i>Pisum sativum</i>). // Applied Biochemistry and Microbiology, 2018, Vol. 54, No. 4, PP. 442–448. DOI: 10.1134/S0003683818040129</p> <p>Идентификационный номер: WOS:000438645200015 Идентификационный номер: SCOPUS id=2-s2.0-85050034627 Импакт фактор WoS(2017) - 0.707. SJR 2017 - 0.210 Квартиль Q4 Цитируемость – 0</p> <p>WoS SCOPUS РИНЦ</p> |
| 150 | <p>Пухальский Я.В., Воробьев Н.И., Шапошников А.И., Лоскутов С.И., Якубовская А. И. Фрактальный анализ уровня организации корневых выделений растений в технологиях фитомониторинга и фиторекультивации нарушенных земель / Сб. научн. конф. «Применение средств дистанционного зондирования Земли в сельском хозяйстве». Санкт-Петербург, 26–28.09.2018. СПб.: ФГБНУ АФИ. 2018. С. 298-304.</p> |
| 151 | <p>Пухальский Я.В., Воробьев Н.И., Шапошников А.И., Пищик В.Н., Свиридова О.В., Толмачев С.Ю. Влияние слабых вращающихся магнитных полей на коммуникацию молекулярных сигналов между бактериями <i>Sphingomonas sp.</i> и растениями гороха. / Труды VIII Международного конгресса "Слабые и сверхслабые поля и излучения в биологии и медицине" 2018. С. 74-75.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 152 | <p>Пухальский Я.В., Воробьев Н.И., Шапошников А.И., Пищик В.Н., Свиридова О.В., Толмачев С.Ю. Особенности воздействия бактерий <i>Sphingomonas sp.</i> K1B на горох посевной, выращенный на гидропонике в переменном магнитном поле / Коллективная монография «Современные тенденции в научном обеспечении АПК Верхневолжского региона». ФГБНУ Верхневолжский ФАНЦ. Иваново: Прессто. 2018. Т. 2. С. 168-175</p> |
| 153 | <p>Пухальский Я.В., Воробьев Н.И., Шапошников А.И., Пищик В.Н., Свиридова О.В., Толмачев С.Ю. Результаты экспериментальных исследований влияния</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>переменных магнитных полей на биосистему "Бактерии <i>Sphingomonas sp.</i> K1B – растения гороха" в условиях гидропонной культуры. / Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых «Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды». В 2-х частях. Иркутск, 2018. С. 1116-1120.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 154 | <p>Пухальский Я.В., Лоскутов С.И., Азарова Т.С., Шапошников А.И., Белимов А.А. Аспекты аккумуляции тяжелых металлов у симбиосистемы мутанта гороха посевного // Материалы Всероссийской научно-практической конференции "Химическое и биологическое загрязнение почв", ИФХиБПП РАН, Пущино, 18-21 июня 2018 г., С. 206-209.</p> |
| 155 | <p>Пухальский Я.В., Шапошников А.И., Азарова Т.С., Лоскутов С.И., Белимов А.А. Воздействие ионов кадмия и кобальта на растения гороха посевного при моно- и полиметаллическом загрязнении дерново-подзолистой почвы // Материалы IV (XII) Международной ботанической конференции молодых учёных в Санкт-Петербурге. Ботанический институт им. В.Л. Комарова, 22–28 апреля 2018 г., с. 134-135.</p> |
| 156 | <p>Пухальский Я.В., Шапошников А.И., Лоскутов С.И., Азарова Т.С., Белимов А.А. Изменение композиционного состава корневых экссудатов у растений гороха посевного при воздействии тяжелых металлов // Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды. // Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых, Иркутск, 10–15 июля 2018 г. – Иркутск: Изд-во Института географии им. В.Б. Сочавы СО РАН, 2018. – В 2-х частях. Часть II, с. 1121-1125.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 157 | <p>Пухальский Я.В., Шапошников А.И., Лоскутов С.И., Белимов А.А. Аспекты аккумуляции тяжелых металлов у симбиосистемы мутанта гороха посевного // «Роль молодых учёных в решении актуальных задач АПК», сборник по материалам международной научно-практической конференции молодых учёных / СПбГАУ. – СПб., 2018. с. 54-56.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 158 | <p>Румянцева М.Л., Мунтян В.С., Черкасова М.Е., Саксаганская А.С., Андронов Е.Е., Симаров Б.В. Геномные острова штамма <i>Sinorhizobium meliloti</i> RM1021 – азотфиксирующего симбионта люцерны.// Генетика. 2018. Т. 54. № 7. С. 745-756.</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ, 2017 - 0.866.</p> <p>ПЕРЕВОД</p> <p>Roumiantseva M.L., Muntyan V.S., Cherkasova M.E., Saksaganskaya A.S., Andronov E.E., Simarov B.V. GENOMIC ISLANDS IN SINORHIZOBIUM MELILOTI RM1021, NITROGEN-FIXING SYMBIONT OF ALFALFA.// Russian Journal of Genetics. 2018. Т. 54. № 7. С. 759-769. DOI: 10.1134/S102279541807013X</p> <p>Идентификационный номер: WOS:000438828700001</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>Идентификационный номер SCOPUS: id=2-s2.0-85050162846 Impact Factor - 0.505 SJR 2017 - 0.207 Квартиль Q4 Цитируемость – 0 WoS SCOPUS РИНЦ</p> |
| 159 | <p>Румянцева М.Л., Саксаганская А.С., Мунтян В.С., Черкасова М.Е., Симаров Б.В. Структурный полиморфизм генов вирулентности и солеустойчивости <i>Sinorhizobium meliloti</i>. Генетика. 2018. Т. 54. № 5. С. 524-534. Импакт-фактор РИНЦ, 2017 - 0.866. ПЕРЕВОД Roumiantseva M.L., Saksaganskaia A.S., Muntyan V.S., Cherkasova M.E., Simarov B.V. STRUCTURAL POLYMORPHISM OF SINORHIZOBIUM MELILOTI GENES RELATED TO VIRULENCE AND SALT TOLERANCE. // Russian Journal of Genetics. 2018. Т. 54. № 5. С. 525-535. DOI: 10.1134/S1022795418050083 Идентификационный номер: WOS:000432624900003 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85050162846 Impact Factor – 0.505 SJR 2017 - 0.207 Квартиль Q4 Цитируемость – 0 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 160 | <p>Рябов О.В., Пимонов К.И., <u>Юрков А.П.</u> Влияние минеральных удобрений, гуминовых препаратов и арбускулярной микоризы на урожайность земляники садовой. // Материалы межд. науч.-практ. конф. «Ресурсосбережение и адаптивность в технологиях возделывания сельскохозяйственных культур и переработки продукции растениеводства», 7 февраля 2018 г., пос. Персиановский, 2018. С. 73-75. РИНЦ</p> |
| 161 | <p>Саксаганская А.С., Мунтян В.С., Румянцева М.Л. Анализ структурного разнообразия <i>NOD</i> генов в субпопуляциях <i>Sinorhizobium meliloti</i> – симбионтов люцерны. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 222. РИНЦ</p> |
| 162 | <p>Саксаганская А.С., Мунтян В.С., Румянцева М.Л. Генетическое разнообразие природных популяций трех видов <i>Melilotus spp.</i> на территориях, подвергшихся техногенному и антропогенному воздействию. / Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 46-47. РИНЦ</p> |
| 163 | <p>Свиридова О.В., Воробьев Н.И., Орлова О.В., Попов А.А., Пищик В.Н. Биотехнология, использующая бактериально-микросимбиотический комплекс для гумификации растительных остатков. / Материалы III Межд. науч. конф.</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>«Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 48-49.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 164 | <p>Смоликова Г.Н., Широглазова О.В., Виноградова Г.Ю., Леппянен И.В., Яковлева О.В., Долгих Е.А., Титова Г.Е., Медведев С.С. Прекращение фотохимической активности и деградация хлорофиллов при созревании семян <i>Pisum sativum</i> L. с желтыми и зелеными семядолями. / «Клеточная биология и биотехнология растений». Тезисы докладов II Международной научно-практической конференции. Белорус. гос. ун-т, Ин-т леса НАН Беларуси; редкол.: И.И. Смолич (отв. ред.), В.В. Демидчик, В.Е. Падутов. 2018. С. 30-31.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 165 | <p>Степанова Г.В., Мунтян В.С., Мунтян А.Н., Румянцева М.Л. Создание высокоэффективной сортомикробной системы на основе генетически-охарактеризованного штамма <i>Sinorhizobium meliloti</i> и люцерны изменчивой сорта Агния. / Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 50-51.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 166 | <p>Сулима А.С., Жуков В.А., Афонин А.М., Тихонович И.А. Генетические основы конструирования высокоспецифичных симбиотических систем гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.) / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 232.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 167 | <p>Сулима А.С., Жуков В.А., Афонин А.М., Тихонович И.А. Генетические основы конструирования высокоспецифичных симбиотических систем гороха посевного (<i>Pisum sativum</i> L.). / Материалы международного форума «Биотехнология: состояние и перспективы развития», Москва, 23 - 25 мая 2018 г. С. 24-26.</p> |
| 168 | <p>Тарасов С.И., Кравченко М.Е., Бужина Т.А., Архипченко И.А. Влияние интенсивного применения бесподстилочного навоза на устойчивость, продукционный потенциал агроценозов с бессменным возделыванием многолетних трав / В сборнике: Итоги выполнения программы фундаментальных научных исследований государственных академий на 2013-2020 гг. Материалы Всероссийского координационного совещания научных учреждений-участников Географической сети опытов с удобрениями. Под ред. акад. РАН В.Г. Сычева. 2018. С. 286-294.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 169 | <p>Тихонович И.А. Мобилизация объединенных генетических систем микроорганизмов и растений. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 234.</p> <p>РИНЦ</p> |

| | |
|-----|--|
| 170 | <p>Удалова О.Р., Пищик В.Н., Мирская Г.В., Вертебный В.Е., Воробьев Н.И., Хомяков Ю.В. Влияние биологически активных препаратов на продуктивность и качество плодов перца сладкого в условиях интенсивной светокультуры. // Овощи России. 2018. № 3. С. 81-85.</p> <p>Импакт фактор РИНЦ - 0.067</p> <p>РИНЦ</p> |
| 171 | <p>Цыганов В.Е., Китаева А.Б., Кусакин П.Г., Демченко К.Н., Цыганова А.В. Клеточные механизмы дифференцировки растительных клеток симбиотического клубенька. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 245.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 172 | <p>Цыганова А.В., Селиверстова Е.В., Онищук О.П., Курчак О.Н., Кимеклис А.К., Сазанова А.Л., Кузнецова И.Г., Сафронова В.И., Белимов А.А., Андронов Е.Е., Цыганов В.Е. Ультраструктурные особенности симбиотических клубеньков реликтовых бобовых. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 246.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 173 | <p>Цыганова А.В., Цыганов В.Е. Негативная гормональная регуляция развития симбиотических клубеньков. II. Салициловая, жасмоновая и абсцизовая кислоты. // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53. № 1. С. 3-14.</p> <p>ПЕРЕВОД Tsyganova, A.V., Tsyganov, V.E. Negative hormonal regulation of symbiotic nodule development. II. Salicylic, jasmonic and abscisic acids. // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya, 2018, Volume 53, Issue 1, Pages 3-14 DOI: 10.15389/agrobiology.2018.1.3eng Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85044612340 IF РИНЦ - 0,832 SJR 2017 - 0.137 Квартиль Q4 SCOPUS РИНЦ</p> |
| 174 | <p>Черкасова М.Е., Мунтян В.С., Румянцева М.Л. Анализ смежных геномных островов у генетически неродственных штаммов <i>Sinorhizobium meliloti</i> / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 252.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 175 | <p>Черкасова М.Е., Мунтян В.С., Румянцева М.Л. Оценка структуры хромосомы у сельскохозяйственных штаммов <i>Sinorhizobium meliloti</i> / Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 58-59.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 176 | <p>Чернова Е.Н., Иванова К.А., Русских Я.В., Кулаева О.А. Масс-спектрометрический анализ низкомолекулярных тиолов в тканях растений (на</p> |

| | |
|-----|--|
| | <p>примере гороха посевного <i>Pisum sativum</i> L.) // Региональная экология. 2018. № 2 (52). С. 82-94.</p> <p>ИФ РИНЦ – нет</p> <p>РИНЦ</p> |
| 177 | <p>Чижевская Е.П., Найденова Е.А., Онищук О.П., Андронов Е.Е., Симаров Б.В.. Ген биосинтеза меланина у штамма CA15-1 клубеньковых бактерий люцерны: Молекулярный анализ и филогения. //Генетика, 2018, том 54, № 8, с. 922–930. DOI: 10.1134/S0016675818080040.</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,866</p> <p>РИНЦ</p> <p>ПЕРЕВОД</p> <p>The Melanin Biosynthesis Gene from the CA15-1 Strain of Alfalfa Nodule Bacteria: Molecular Analysis and Phylogeny Chizhevskaya E.P., Naidenova E.A., Onishchuk O.P., Andronov E.E., Simarov B.V.// Russian Journal of Genetics Volume 54, Issue 8, 1 August 2018, Pages 925-932</p> <p>DOI: 10.1134/S1022795418080045</p> <p>Идентификационный номер: WOS:000442625600006</p> <p>SCOPUS id=2-s2.0-85051865695</p> <p>Impact Factor = 0.505</p> <p>Квартиль Q4</p> <p>Цитируемость в WoS = 0</p> <p>Цитируемость в SCOPUS = 0</p> <p>WoS, SCOPUS</p> |
| 178 | <p>Шапошников А.И. Влияние состава корневых экзометаболитов на растительно-микробные взаимодействия в ризосфере. // Актуальная биотехнология, 2018, Том 3, №6, СС. 477-481.</p> <p>ИФ РИНЦ – нет.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 179 | <p>Шапошников А.И., Вишневская Н.А., Шахназарова В.Ю., Струнникова О.К., Белимов А.А. Влияние <i>Fusarium culmorum</i> и <i>Pseudomonas fluorescens</i> на состав органических кислот в корневых экссудатах ячменя // Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды. / Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых, Иркутск, 10–15 июля 2018 г. – Иркутск: Изд-во Института географии им. В.Б. Сочавы СО РАН, 2018. – В 2-х частях. Часть I, с. 809-812.</p> |
| 180 | <p>Шапошников А.И., Струнникова О.К., Макарова Н.М., Вишневская Н.А., Шахназарова В.Ю., Белимов А.А. Влияние корневой экссудации сахаров на развитие фузариоза у растений пшеницы и ячменя. // Биомика, 2018, Том 10, №1, СС. 20-23. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-5</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,629</p> <p>РИНЦ</p> |
| 181 | <p>Шапошников А.И., Струнникова О.К., Макарова Н.М., Вишневская Н.А., Шахназарова В.Ю., Белимов А.А. Влияние корневой экссудации сахаров на</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>интенсивность развития корневой гнили у растений пшеницы и ячменя. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 255.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 182 | <p>Штарк О.Ю., Авдеева Г.С., Пузанский Р.К., Клюкова М.С., Юрков А.П., Жуков В.А., Шишова М.Ф., Тихонович И.А. Изменение физиологических и биохимических параметров у растений гороха посевного в ответ на инокуляцию арбускулярно-микоризным грибом <i>Rhizophagus irregularis</i>. // Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 60-61.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 183 | <p>Штарк О.Ю., Клюкова М.С., Жернаков А.И., Афонин А.М., Федорина Я.В., Авдеева Г.С., Кулаева О.А., Сулима А.С., Хайруллина М.М., Пузанский Р.К., Ахтемова Г.А., Шишова М.Ф., Жуков В.А., Тихонович И.А. Механизмы формирования и эффективного функционирования арбускулярной микоризы у гороха посевного. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа. 2018. С. 264.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 184 | <p>Штарк О.Ю., Шишова М.Ф., Повыдыш М.Н., Авдеева Г.С., Жуков В.А., Тихонович И.А. Стриголактоны – регуляторы симбиотрофии растений и микроорганизмов // Физиология растений. 2018. Т. 65. № 2. С. 3–20. Импакт фактор РИНЦ 2017 -1,016</p> <p>ПЕРЕВОД: Shtark O.Yu., Shishova M.F., Povydysh M.N., Avdeeva G.S., Zhukov V.A., Tikhonovich I.A. Strigolactones as Regulators of Symbiotrophy of Plants And Microorganisms // Russian Journal of Plant Physiology. 2018. Т. 65. № 2. С. 151-167. DOI: 10.1134/S1021443718020073 Идентификационный номер: WOS:000427142300001 Идентификатор SCOPUS: id=2-s2.0-85043473783 Импакт-фактор - 0.816 SJR Impact Factor - 0.35 Квартиль Q4 Количество цитирований: 0 (из Web of Science Core Collection) Количество цитирований SCOPUS: 0</p> <p>WoS SCOPUS РИНЦ</p> |
| 185 | <p>Юрков А.П., Крюков А.А., Горбунова А.О. Особенности молекулярно-генетической и морфологической идентификации грибов подотдела <i>Glomeromycotina</i>. // Материалы III Межд. науч. конф. «Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки», 24-28 сентября 2018 г., г. Ялта, 2018. Симферополь: ИТ «АРИАЛ». С. 222-224.</p> <p>РИНЦ</p> |

| | |
|-----|---|
| 186 | <p>Юрков А.П., Крюков А.А., Горбунова А.О., Кожемяков А.П., Степанова Г.В., Мачс Э.М., Родионов А.В., Шишова М.Ф. Молекулярно-генетическая идентификация грибов арбускулярной микоризы // Экологическая генетика. 2018. Т. 16. № 2. С. 11–23. DOI: 10.17816/ecogen16211-23.</p> <p>Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,449 ПЕРЕВОД Yurkov, A.P., Kryukov, A.A. Molecular genetic identification of arbuscular mycorrhizal fungi. // Ecological Genetics 2018, Volume 16, Issue 2, Pages 11-23. DOI: 10.17816/ecogen16211-23 Идентификатор SCOPUS id=2-s2.0-85052787073 SJR - 0.297 Квартиль Q4 Цитируемость – 0</p> <p>SCOPUS РИНЦ</p> |
| 187 | <p>Юрков А.П., Крюков А.А., Горбунова А.О., Якоби Л.М., Авдеева Г.С., Романюк Д.Д., Кирпичникова А.А., Пузанский Р.К., Шишова М.Ф. Влияние гриба <i>Rhizophagus irregularis</i> на гормональный статус и фотосинтез люцерны хмелевидной при развитии арбускулярной микоризы. / Материалы международной научной конференции PLAMIC2018 «Растения и микроорганизмы: биотехнология будущего», 13-17 июня 2018 г., г. Уфа / отв. ред. И.А. Тихонович. 2018. С. 267.</p> <p>ПЕРЕВОД Yurkov A.P., Kryukov A.A., Gorbunova A.O., Jacobi L.M., Avdeeva G.S., Romanyuk D.D., Kirpichnikova A.A., Puzansky R.K., Shishova M.F. Effect of the fungus <i>Rhizophagus irregularis</i> on the hormonal status and photosynthesis in <i>Medicago lupulina</i> during arbuscular mycorrhiza development. // In: Abstract book “International Scientific Conference PLAMIC2018 «Plants and microbes: the future of biotechnology»”, Russia, Ufa, 13-17 June 2018. Ed. by I.A. Tikhonovich. 2018. P. 267.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 188 | <p>Юрков А.П., Крюков А.А., Горбунова А.О., Якоби Л.М., Воробьев Н.И., Шишова М.Ф. Влияние гриба арбускулярной микоризы <i>Rhizophagus irregularis</i> на развитие люцерны хмелевидной при дефиците фосфорного питания. / В кн. «Механизмы устойчивости растений и микроорганизмов к неблагоприятным условиям среды: Сборник материалов Годичного собрания Общества физиологов растений России, Всероссийской научной конференции с международным участием и школы молодых ученых», Иркутск, 10–15 июля 2018 г. – Иркутск: Изд-во Института географии им. В.Б. Сочавы СО РАН, 2018. – В 2-х частях. Ч. I. С. 840-843.</p> <p>ПЕРЕВОД Yurkov A.P., Kryukov A.A., Gorbunova A.O., Jacobi L.M., Vorobiev N.I., Shishova M.F. The effect of arbuscular mycorrhizal fungus <i>Rhizophagus irregularis</i> on the development of black medick under phosphorus deficiency conditions. / In: Mechanisms of resistance of plants and microorganisms to unfavorable environmental: Book of Proceedings of the Annual Meeting Society of Plant</p> |

| | |
|-----|---|
| | <p>Physiologists of Russia, All-Russian Scientific Conference with International Participation and Schools of Young Scientists, Irkutsk, July 10–15, 2018. – In 2 parts. Part I. P. 843.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 189 | <p>Якубовская А. И., Каменева И. А., Гритчин М. В., Пухальский Я. В. Стимулирующий эффект ассоциативных с растениями риса штаммов на зерновых и бобовых культурах // Современное состояние, проблемы и перспективы развития аграрной науки: материалы III Междунар. науч. конф., Ялта, 24-28 сентября 2018 г. / науч. ред. В.С. Паштецкий. – Симферополь: ИТ "АРИАЛ", 2018, с. 62-63.</p> <p>РИНЦ</p> |
| 190 | <p>Долгих Е.А., Кириенко А.Н., Ковалева О.Д., Тихонович И.А. Изучение биохимической функции рецептор-подобных киназ гороха Sym10, Sym37 и K1, необходимых для развития бобово-ризобияльного симбиоза. Экологическая генетика. 2017. Т. 15, № 4. С. 4–12. doi: 10.17816/ecogen1544-12 (SCOPUS) Импакт-фактор РИНЦ 2017 - 0,449 (в предыдущем отчете за 2017 год не представляли)</p> <p>ПЕРЕВОД Dolgikh, E.A., Kirienko, A.N., Kovaleva, O.D., Tikhonovich, I.A. Studying the biochemical function of the pea receptor-like kinases Sym10, Sym37 and K1, required for the legume-rhizobia symbiosis development. // Ecological Genetics. 2017 15(4), С. 4-12. DOI: 10.17816/ecogen1544-12. SCOPUS id=2-s2.0-85041604023 SJR: 0.297 Квартиль Q4 SCOPUS РИНЦ</p> |

Итого:

6 монографических и глав в монографиях;

1 практичесок еруководство;

9 публикаций в WoS;

20 публикаций в SCOPUS;

34 публикации одновременно в WoS + SCOPUS;

110 публикаций в РИНЦ.

7.

Организованные и проведенные конференции, число участников, постановление

Институт являлся соорганизатором 4 конференций:

1. Международный форум «Биотехнология: состояние и перспективы развития, 19-21 февраля 2018, Москва, РФ

ВНИИСХМ являлся организатором симпозиума "Биотехнология надорганизменных систем".

В целом в форуме приняли участие около 2000 ученых и исследователей, а также представители деловых кругов.

В научной программе конгресса были представлены тематические потоки, посвященные проблемам биоинформатики, нанобиотехнологии, протеомики, генотерапии и другим актуальным вопросам современной биотехнологии.

2. 9 – ый Международный Форум «Продовольственная безопасность Северо-Западного региона РФ: проблемы и пути решения», 19 апреля 2018 г. г. СПб – Пушкин, РФ