

ДНК-технологии, трансгенез, молекулярное маркирование

УДК 635.64:631.52:575.22:[573.6.086.83+577.21]

ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ В ПОТОМСТВЕ ТРАНСГЕННОГО МЕЖВИДОВОГО ГИБРИДА ТОМАТА. СООБЩЕНИЕ II. ИДЕНТИФИКАЦИЯ САЙТА ИНТЕГРАЦИИ ЧУЖЕРОДНОЙ ДНК

Ю.В. ЧЕСНОКОВ¹, Н.И. БОЧАРНИКОВА², Л.В. ЕСАУЛОВА³, З.Р. ЮНУСОВ⁴

Проведен молекулярно-генетический анализ 19 форм трансгенных генотипов разных поколений и двух родительских форм межвидового гибрида томата *Lycopersicon esculentum* Mill. (сорт Факел) × *Solanum pennellii* Cor. Выявлены различия по длине полученных ПЦР-фрагментов. Проведенный сравнительный анализ первичных последовательностей ПЦР-ампликонов позволил установить точное месторасположение сайта интеграции чужеродной экзогенной ДНК в геноме трансгенных растений. На основании полученных данных делается вывод о том, что интеграция произошла посредством гомологичной рекомбинации по триплету AGG с 5'-конца интегрировавшегося в геном фрагмента и за счет негомологичной рекомбинации по неустановленному нуклеотидному сайту с 3'-конца.

Ключевые слова: межвидовой гибрид томата, чужеродная экзогенная ДНК, сайт интеграции.

Keywords: interspecific hybrid of tomato, alien exogenous DNA, integration site.

Чужеродная ДНК, перенесенная в растительные клетки одним из известных на сегодня способов, обычно интегрирует в ядерный геном растений и наследуется по законам Менделя (1, 2). Сайты интеграции распределяются по геному случайным образом (3, 4), однако в большинстве случаев экзогенная ДНК интегрирует в единичный локус в виде одной копии либо как кластер тандемных копий (5). При генетической трансформации с использованием патогенной бактерии *Agrobacterium* или ряда методов прямого переноса чужеродной ДНК факт трансформации был доказан на морфологическом, классическом генетическом, биохимическом и молекулярно-генетическом уровнях. В экспериментах по трансформации с помощью прорастающей пыльцы в основном ограничиваются фенотипическим и гибридологическим анализом трансформантов. Впервые эффект генетической трансформации посредством прорастающей пыльцы был продемонстрирован на всех четырех уровнях на *Petunia hybrida* (в качестве трансформирующей служила ДНК трансдуцирующего фага с геном трансферазы *Escherichia coli*) (6). В дальнейшем при применении прорастающей пыльцы эффект трансформации идентифицировали, как правило, на всех возможных уровнях (7-10) вне зависимости от объекта.

В наших экспериментах на томате была показана возможность генетической трансформации растений посредством естественного процесса опыления—оплодотворения и приведены морфологические, биотехнологические, биохимические и молекулярно-генетические доказательства факта трансформации (11-14). Так, продемонстрировано, что чужеродная экзогенная плазмидная ДНК, несущая селективный маркерный ген *nptII*, определяющий устойчивость трансгенных форм к антибиотику канамицину, может быть эффективно введена в интактные растения томата посредством опыления—оплодотворения. Трансгенные формы отбирают на ранних стадиях развития в культуре клеток *in vitro* (15), а полученное семенное потомство наследует приобретенный признак устойчивости к канамицину (16).

Отметим, что вплоть до последнего времени не было проведено ни одного исследования, в котором генетическая трансформация растений

выполнялась бы одновременно с отдаленной гибридизацией. Разработка приемов совместного применения генетической трансформации и отдаленной гибридизации, по нашему мнению, позволит значительно повысить возможности селекции при создании растений с новыми хозяйственно ценными признаками, увеличив частоту и расширив спектр доступной генотипической изменчивости. Кроме того, получаемый в результате одновременного проведения генетической трансформации и отдаленной гибридизации генетико-селекционный материал представляет интерес для познания фундаментальных основ организации и функциональной активности генома растительных организмов, а также оптимизации методов оценки и отбора трансгенных генотипов, ценных в хозяйственном отношении. Полученные результаты (11-14) имеют важное значение для дальнейшего развития теоретических представлений о роли нестабильности генома, обусловленной влиянием экзогенной и эндогенной ДНК, в эволюции покрытосеменных растений, что позволяет рассматривать нестабильность в качестве одного из важнейших механизмов, регулирующих генотипическую изменчивость как в природных, так и в селекционных популяциях. В то же время очевидна практическая значимость отобранных нами трансгенных и мутантных форм томата (11-14, 16). Они могут непосредственно включаться в селекционные программы в качестве исходного материала, поэтому на следующем этапе исследований основное внимание уделялось селекционной ценности полученных форм (17).

Целью настоящей работы стало установление факта генетической трансформации томата посредством молекулярно-генетических методов анализа генома полученных селекционно ценных генотипов и их родительских форм, а также выявление точного сайта интеграции чужеродной экзогенной ДНК в геноме отобранных межвидовых гибридов *Lycopersicon esculentum* Mill. × *Solanum pennellii* Cor.

Методика. Материалом для исследования служили трансгенные генотипы межвидового гибрида томата, полученные при скрещивании культурной формы *Lycopersicon esculentum* Mill. (сорт Факел) и дикого образца *Solanum pennellii* Cor. с экзогенной чужеродной плазмидной ДНК, несущей трансген *nptII*, который определяет устойчивость к канамицину (16).

Тотальную геномную ДНК выделяли из свежего или лиофильно высушенного и хранившегося при +4 °С растительного материала (измельченные ткани, листья, проростки) мини-методом, описанным К. Лихтенштейном и Дж. Дрейпером (18).

При проведении ПЦР применяли следующий режим: 5 мин — денатурация при 94 °С, 1 мин — отжиг праймеров при 50-55 °С, 1,5 мин — реакция полимеризации при 72 °С, 1 мин — денатурация при 94 °С, 10 мин — завершающая полимеризация при 72 °С. Конечная температура 4 °С. В каждой ПЦР выполняли 35-40 циклов. Таq-полимеразу и соответствующие буферы использовали в соответствии с протоколом фирмы-производителя («Boehringer», Германия). Амплификацию осуществляли с помощью следующих пар праймеров, гомологичных консервативным районам легуминов *Gnetum gnemon*, *Ephedra gerardiana*, а также вицилиноподобного белка *Matteucia struthiopteris* (19, 20):

G. gnemon — GCGGCAGGGCCAATTCCTTCTCATCCCCGCAGAACTTCGC,
GCCTCCGTTTTGTCTCAGTCTCAGTAGTTTGGGATTCG;
E. gerardiana — CCGCAGTTCTTCGCTGCTGTGTAAGAGGCCTCCGAAGAAGG,
CCAGGTTGATCGCGGTCTTGGTCACCTTGGCGAGGGC;
M. struthiopteris — GCCTTACAACCTATTCAAAGAGAAGCCGGATTTTGGC,
CCCATGAACTCAAAGACCCACTCTGAGAAGCTATCTTGG.

Полученные ПЦР-продукты секвенировали с использованием сис-

темы ABI PRISM™ («Perkin Elmer», США) по протоколу набора для секвенирования ABI PRISM™ Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit with AmpliTaq DNA Polymerase FS (P/N 402078) той же фирмы. Горизонтальный электрофорез ДНК-фрагментов проводили в 1 % агарозном геле в TBE- или TAE-буфере. Напряженность электрического поля составляла 2-4 В/см. После электрофореза гель в течение 1 ч окрашивали бромистым этидием в концентрации 0,5 мкг/мл. Визуализацию полученных результатов ПЦР-амплификации и гель-документирование выполняли с использованием системы BioDoc It («UVP», Великобритания).

Для электроэлюции ДНК из 1 % агарозного геля после электрофореза в TAE-буфере при напряжении 3 В/см и окрашивания бромистым этидием участок геля, содержащий нужный фрагмент ДНК, вырезали и переносили в диализную трубку с TAE-буфером. Трубку герметично закрывали с обеих сторон, помещали в камеру для электрофореза и подавали напряжение 4-5 В/см. После выхода ДНК из геля несколько раз на 5-10 с меняли направление тока. Затем гель удаляли, содержимое диализной трубки концентрировали до 300-400 мкл и переносили в центрифужную пробирку объемом 1,5 мл («Eppendorf», Германия). Раствор ДНК однократно обрабатывали равным объемом смеси фенола с хлороформом (1:1). К отобранной верхней водной фазе добавляли NaCl до концентрации 0,1 М и высаживали ДНК двумя объемами охлажденного этанола, оставив пробирку на 2-3 ч при -20 °С. Осажденную ДНК собирали центрифугированием в течение 10-15 мин при +4 °С. Осадок промывали 75 % этанолом, слегка подсушивали и растворяли в 20 мкл бидистиллированной воды. Полученный раствор ДНК хранили при -20 °С.

С целью установления возможного происхождения анализируемых фрагментов ДНК осуществляли поиск гомологичных нуклеотидных последовательностей в известных базах данных с использованием интерактивной программы BLAST Search, доступной через Интернет по web-адресу: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/cgi-bin/BLAST/nph-newblast?Jform=1>.

Результаты. Для проведения ПЦР-анализа была использована тотальная геномная ДНК трансгенных межвидовых гибридов томата, полученных нами ранее (17). Поскольку изначальное воздействие трансгенной ДНК на геном реципиента могло происходить на стадиях раннего или позднего эмбриогенеза, в качестве праймеров для ПЦР-анализа были выбраны три пары олигонуклеотидных праймеров, гомологичных консервативным аминокислотным участкам запасных белков семян *G. gnemon*, *E. gerardiana* и вицилиноподобного белка спор *M. struthiopteris* (19, 20). Из всех известных видов (за исключением, пожалуй, миксомицета *Physarum polycephalum*) именно у этих организмов описаны эволюционно наиболее древние, «низшие» белки, которые образуют суперсемейство структурно гомологичных, но функционально различных продуктов (21).

Проведенный анализ выявил несходство в спектрах амплифицированных фрагментов, полученных для обеих родительских форм и их трансгенных гибридных потомков (рис. 1). Так, в случае праймеров *G. gnemon* отмечалось несколько фрагментов (от 400 до 1500 п.н.) как характерных для всех генотипов, включая родительские формы, так и уникальных, специфичных только для определенных трансгенных форм. ПЦР-анализ с праймерами *E. gerardiana* и *M. struthiopteris* дал аналогичные результаты. Однако число амплифицированных фрагментов для праймеров *G. gnemon* и *M. struthiopteris* было ниже, чем для праймеров *E. gerardiana*.

Поскольку фрагменты длиной около 1500 п.н., например у генотипа 2-83(2) (см. рис. 1) в варианте с праймерами *G. gnemon*, были наиболее уни-

кальны по сравнению с остальными фрагментами, амплифицированными как с помощью этих праймеров, так и с праймерами *E. gerardiana* и *M. struthiopteris*, мы выбрали их для последующего молекулярно-генетического анализа. В качестве праймеров для секвенирования указанных фрагментов использовали те же праймеры *G. gnemon*, что и для ПЦР-анализа. Одновременно секвенировали фрагмент (примерно 1300 п.н.), характерный для *S. pennellii*. Полученные первичные нуклеотидные последовательности длиной 1536 и 1316 п.н. были подвергнуты молекулярному сравнению (рис. 2). Совпадение составило 85,7 %, причем 220 нуклеотидов, не имеющих гомологии, располагались в виде единого фрагмента.

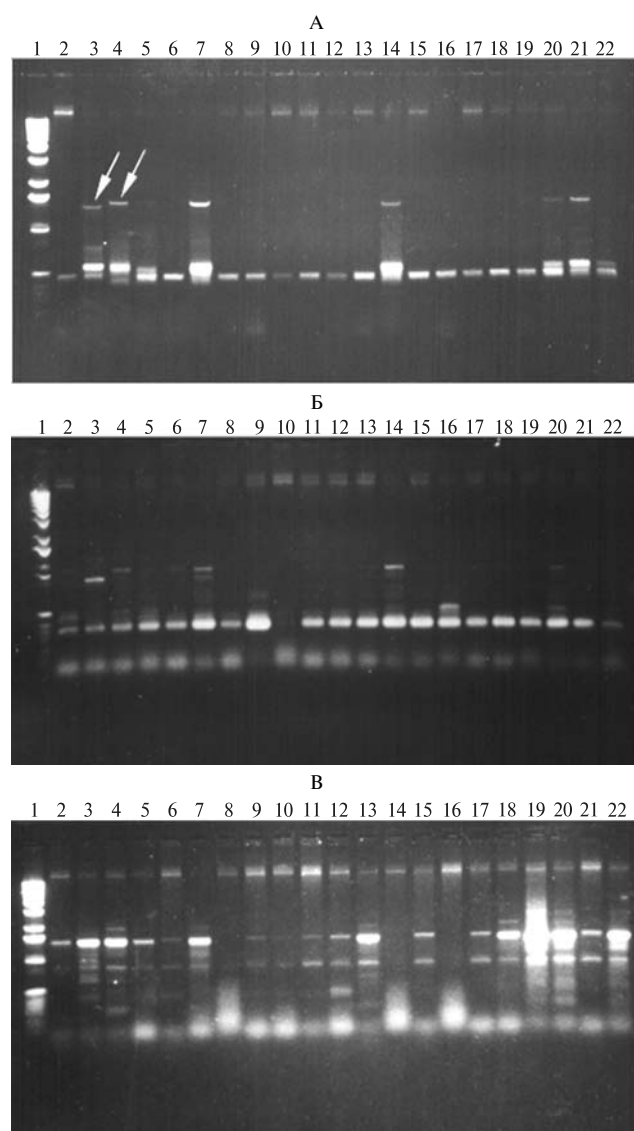


Рис. 1. ПЦР-анализ геномной ДНК некоторых трансгенных генотипов томата и их родительских форм с праймерами *Gnetum gnemon* (А), *Ephedra gerardiana* (Б) и *Matteucia struthiopteris* (В): 1 — маркер молекулярных масс (100 п.н.-1 т.п.н.); 2 — *Lycopersicon esculentum*; 3 — *Solanum pennellii*; 4, 7, 14, 20 и 21 — соответственно F₂, F₃, F₅, F₇ и F₈ генотипа 2-83(2); 5, 8, 10, 12, 15, 18 и 22 — соответственно F₂-F₈ генотипа 28-26; 6, 9, 11, 13, 17 и 19 — соответственно F₂-F₇ генотипа 2-83(4).

В результате поиска гомологичных последовательностей в известных базах данных для установления возможной природы этого фрагмента обнаружили 253 последовательности, в той или иной степени гомологичные фрагменту длиной 1536 п.н., а также 28 последовательностей, проявлявших сходство с фрагментом 1316 п.н. *S. pennellii*. Из 253 последовательностей, гомологичных ампликону 1535 п.н., 222 представляли собой участки разнообразных плазмидных векторов (в том числе предназначенных для трансформации растений), содержащих последовательность гена *nptII* из транспозона Tn5 *E. coli* (регистрационный номер U32991), а остальные принадлежали организмам как из животного (дрозофила, мышь, человек), так и из растительного (маршанция, арабидопсис, табак, томат и др.) царства. Последовательность 1316 п.н. имела гомологию лишь с ДНК животного и растительного происхождения и не обнаруживала гомологии с какими-либо векторами и транспозонами. Кроме того, из 28 найденных гомологичных ей последовательностей 19 бы-

ли также гомологичны фрагменту длиной 1536 п.н. Среди этих 19 последовательностей наибольший интерес представляет последовательность клона AJ3 (AF072531) парацентромерного участка *S. pennellii*, обладающая наибольшей гомологией с обоими ампликонами — 1536 и 1316 п.н.

```

GNETPCR: AGAATGGTGGTACAATACCACTTACCAGACTTCTATCAAATGTA CTCTCCTA 850
          |||
SPENNEL: AGAATGGTGGTACAATACCACTTACCAGACTTCTATCAAATGTA CTCTCCTA 850

GNETPCR: CGAGGATGAGGATGGTTTCGCATGATTGAACAAGATGGATTGCACGCAGG 900
          |||
SPENNEL: CGAGGATGAGG----- 861

GNETPCR: TTCTCCGGCCGCTTGGGTGGAGAGGCTATTCGGCTATGACTGGGCACAAC 950
          -----
SPENNEL: ----- 861

GNETPCR: AGACAATCGGCTGCTCTGATCCCGCGTTCGGCTGTCAGCGCAGGGG 1000
          -----
SPENNEL: ----- 861

GNETPCR: CGCCCGTTCTTTTGTCAAGACCGACCTGTCCGGTGCCCTGAATGAACT 1050
          -----
SPENNEL: ----- 861

GNETPCR: GCAGGACGAGGCAGCGCGGCTATCGTGGCTGCGTAATGACGTCAGATGCT 1100
          |||
SPENNEL: -----CGTAATGACGTCAGATGCT 880

GNETPCR: GAGTCGTAGAAAGTGCTGAAACGTAGTAAGCTAGCTTGACCGGGCTAATCT 1150
          |||
SPENNEL: GAGTCGTAGAAAGTGCTGAAACGTAGTAAGCTAGCTTGACCGGGCTAATCT 930

```

Рис. 2. Результаты сравнительного анализа сегментов первичных нуклеотидных последовательностей ПЦР-ампликонов длиной 1536 п.н. (GNETPCR) и 1316 п.н. (SPENNEL), отмеченных на рисунке 1 (А) стрелками. Триплет предполагаемой гомологичной рекомбинации подчеркнут, фрагмент *nptII* гена выделен курсивом. Цифрами обозначены позиции нуклеотидов.

Из имеющих общую (как для 1536 п.н., так и для 1316 п.н.) гомологию последовательностей следует отметить последовательность нативной (AF000999-AF001003, U23053) и модифицированной (U70480, U70481) полигалактуроназы *L. esculentum*, фрагмент последовательности мРНК легумина *G. gnemon* (Z50779), мРНК гена RPB2 *Marchantia polymorpha* (AF020844), FUS6 ген *Arabidopsis thaliana* (L26498), а также SUA5, PMR1 и tRNA-lys1 гены левого плеча 7-й хромосомы *Saccharomyces cerevisiae* (X85757).

Кроме того, представляют интерес последовательности, не имеющие общую (для ампликонов 1516 п.н. и 1316 п.н.) гомологию, но гомологичные одному из ПЦР-амплифицированных фрагментов. Например, нуклеотидная последовательность *Nicotiana* sp. (X55365), обладающая свойствами промотора в трансгенных растениях, была гомологична лишь части фрагмента 1316 п.н. Интересно, что 222 (из 253) последовательности, содержавшие ген *nptII*, начинались с одного и того же триплета — AGG, в то время как последовательность парацентромерного участка *S. pennellii* (AF072531) этим же триплетом заканчивалась.

Таким образом, как следует из результатов BLAST Search анализа и секвенирования ПЦР-ампликонов, разница в 220 п.н. между фрагментами 1536 и 1316 п.н. обусловлена интеграцией сегмента чужеродной экзогенной ДНК, содержащей структурную часть нуклеотидной последовательности гена *nptII* из транспозона Tn5. Эта интеграция, очевидно, произошла посредством гомологичной рекомбинации по триплету AGG с 5'-конца интегрированного в геном фрагмента и по не известному для нас сайту за счет негомологичной рекомбинации с 3'-конца. Подобное предположение вытекает из данных молекулярно-генетического и сравнительного анализа первичных последовательностей ампликонов и может считаться достаточно обоснованным. Однако окончательный механизм интеграции чужеродной экзогенной ДНК в геном реципиента пока не известен и требует дополнительных исследований.

Л И Т Е Р А Т У Р А

1. De Block M., Herrera-Estrella L., Van Montagu M. e.a. Expression of foreign genes in regenerated plants and in their progeny. *EMBO J.*, 1984, 3: 1681-1689.
2. Feldmann K.A., Marks M.D. Agrobacterium-mediated transformation of germinating seeds of *Arabidopsis thaliana*: a non-tissue culture approach. *Mol. Gen. Genet.*, 1987, 208: 1-9.
3. Chyi Y.-S., Jorgensen R.A., Goldstein D. e.a. Location and stability of Agrobacterium-mediated T-DNA insertion in the *Lycopersicon* genome. *Mol. Gen. Genet.*, 1986, 204: 64-69.
4. Wallroth M., Gerats A.G.M., Rogers S.G. e.a. Chromosomal location of foreign genes in *Petunia hybrida*. *Mol. Gen. Genet.*, 1986, 202: 6-15.
5. Morgaus A., Saul M.W., Essad S., Potrycus I. Localization by in situ hybridization of a low copy chimeric resistance gene introduced into plants by direct gene transfer. *Mol. Gen. Genet.*, 1987, 207: 204-209.
6. Hess D. Pollen-based techniques in genetic manipulation. *Int. Rev. Cytol.*, 1987, 107: 367-395.
7. Hess D., Dressler K., Nimrichter R. Transformation experiments by pipetting *Agrobacterium* into the spikelets of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Sci.*, 1990, 72: 233-244.
8. Чесноков Ю.В., Король А.Б. Перенос чужеродных генов в интактные растения кукурузы посредством процесса опыления—оплодотворения. *Генетика*, 1993, 29(8): 1345-1355.
9. Чесноков Ю.В., Король А.Б. Наследование признака устойчивости к канамицину при генетической трансформации кукурузы. *Генетика*, 1993, 29(9): 1492-1499.
10. Smith C.R., Saunders J.A., Van Wert S. e.a. Expression of GUS and CAT activities using electrotransformed pollen. *Plant Sci.*, 1995, 104: 49-58.
11. Бочарникова Н.И., Сенюк В.И., Чесноков Ю.В., Козлова В.М. Оценка электрофоретических белковых спектров у мутантных по признаку «тип соцветия» форм томата. *Изв. АН РМ, Сер. биол. и хим. наук*, 1993, 5: 72-73.
12. Бочарникова Н.И., Чесноков Ю.В., Козлова В.М. Эффекты действия экзогенной ДНК у томата. II. Генетическая изменчивость. *Генетика*, 1995, 31(5): 692-696.
13. Виконская Н.А., Бочарникова Н.И., Чесноков Ю.В. Фенотипическая оценка признаков расщепляющихся популяций F₂ межвидового гибрида томата. *Изв. АН РМ, Сер. биол. и хим. наук*, 1994, 5: 72-73.
14. Чесноков Ю.В., Седов Г.И., Виконская Н.А. Эффекты действия экзогенной ДНК у томата. I. Генетическая трансформация. *Генетика*, 1995, 31(5): 648-691.
15. Chesnokov Yu.V., Sedov G.I. In vitro selection of tomato transformants at the immature embryo stage. *Euphytica*, 1995, 81(1): 79-83.
16. Чесноков Ю.В. Наследственные изменения, вызванные переносом экзогенной ДНК в высшие растения посредством прорастающей пыльцы. Докт. дис. СПб, 2000.
17. Чесноков Ю.В., Бочарникова Н.И., Есаулова Л.В. Генотипическая вариабельность в потомстве трансгенного межвидового гибрида томата. Сообщение I. Получение селекционного материала. *С.-х. биол.*, 2011, 1: 60-65.
18. Лихтенштейн К., Дрейпер Дж. Генетическая инженерия растений. В кн.: Клонирование ДНК. Методы. М., 1988: 315-380.
19. Shutov A.D., Braun H., Chesnokov Yu.V., Horstmann Ch., Kakhovskaya I.A., Baumlein H. Sequence peculiarity of gnetalean legumin-like seed storage proteins. *J. Mol. Evol.*, 1998, 47(4): 486-492.
20. Shutov A.D., Braun H., Chesnokov Yu.V., Baumlein H. A gene encoding a vicilin-like protein is specifically expressed in fern spores. Evolutionary pathway of seed storage globulins. *Eur. J. Biochem.*, 1998, 252(1): 79-89.
21. Чесноков Ю.В. Молекулярная эволюция глобулинов семян растений. Докл. РАСХН, 2009, 4: 8-12.

¹ГНУ Всероссийский НИИ растениеводства
им. Н.И. Вавилова Россельхозакадемии,
190000 г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 44,
e-mail: yu.chesnokov@vir.nw.ru;

²ГНУ Всероссийский НИИ селекции и семеноводства
овощных культур Россельхозакадемии,
143080 Московская обл., Одинцовский р-н, пос. ВНИИССОК,
ул. Селекционная, 14,
e-mail: gametas@mail.ru;

³ГНУ Всероссийский НИИ риса Россельхозакадемии,
350921 Краснодарский край, пос. Белозерный,
e-mail: l.esaulova@mail.ru;

⁴Всероссийский НИИ биологической защиты
растений Россельхозакадемии,
350039 г. Краснодар, п/о 39,
e-mail: zinich2007@yandex.ru

Поступила в редакцию
10 мая 2011 года

GENOTYPICAL VARIABILITY IN PROGENY OF TRANSGENIC INTERSPECIFIC HYBRID OF TOMATO. II. IDENTIFICATION OF ALIEN DNA INTEGRATION SITE

Yu.V. Chesnokov¹, N.I. Bocharnikova², L.V. Esaulova³, Z.R. Yunusov⁴

S u m m a r y

It was done the molecular-genetic analysis of 19 forms of transgenic genotypes of different progenies and two parents forms of interspecific tomato hybrid *Lycopersicon esculentum* L. (cv. Fake1) × *Solanum pennellii* Cor. The difference was revealed between lengths of obtained PCR fragments. Alignment of primary structures of PCR amplicons allowed to determine exact site of integration of alien exogenous DNA in genome of transgenic plants. Based of obtained data it was assumed that integration was done by homologous recombination by triplet AGG from 5' end of integrated in genome fragment and by non-homologous recombination in unidentified 3' end nucleotide site.

Научные собрания



ПЕРВАЯ МЕЖДУНАРОДНАЯ НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ «СОРНЫЕ РАСТЕНИЯ В ИЗМЕНЯЮЩЕМСЯ МИРЕ: АКТУАЛЬНЫЕ ВОПРОСЫ ИЗУЧЕНИЯ РАЗНООБРАЗИЯ, ПРОИСХОЖДЕНИЯ, ЭВОЛЮЦИИ»

(6-8 декабря 2011 года, г. Санкт-Петербург, Всероссийский НИИ растениеводства им. Н.И. Вавилова)

Цель конференции, посвященной отечественным традициям изучения сорных растений, — привлечение научной ботанической общественности к обсуждению широкого круга как теоретических и методических, так и практических проблем, связанных с сорными растениями во флоре России и сопредельных стран.

Основные научные направления:

- ❖ Сорные растения — родоначальники культурных растений
- ❖ Состав сорной флоры и систематика отдельных таксонов
- ❖ Эколого-ценотические и географические особенности сорных растений
- ❖ Методы изучения разнообразия сорных растений
- ❖ Мониторинг сорных растений и проблемы карантинных объектов
- ❖ Чужеродные виды как источник сорных растений
- ❖ Базы данных как инструмент анализа сорных растений

Круглые столы:

- ❖ Сорные растения: основные понятия и термины
- ❖ Сорные растения: необходимость сохранения

Контакты и информация: <http://vir.nw.ru/conf.htm>



VI МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС «СЛАБЫЕ И СВЕРХСЛАБЫЕ ПОЛЯ И ИЗЛУЧЕНИЯ В БИОЛОГИИ И МЕДИЦИНЕ»

(2-6 июля 2012 года, г. Санкт-Петербург)

Конгресс посвящен актуальным направлениям физики, химии и биологии, а именно вопросам изучения воздействия сверхмалых доз химических агентов, слабых и сверхслабых излучений и физических полей (электромагнитных, магнитных, гравитационных и акустических) на биологические объекты.

Основные научные направления:

- Исследования, физические модели и механизмы действия слабых факторов на молекулярном и клеточном уровне организации биообъектов. Роль воды в функционировании живых систем. Магнитобиология. Эффекты длительного действия слабых физических факторов окружающей среды. Собственные поля и излучения биосистем
- Слабые воздействия на организменном и популяционном уровне и устойчивость жизненных процессов в биосфере, эволюция и устойчивость ноосферы. Экологические и социальные последствия слабых воздействий. Влияние космофизических и метеорологических факторов. Космическая ритмика и экология. Механизмы влияния космических ритмов от молекул до организма и общества
- Новые технологии в профилактической и восстановительной медицине. Немедикаментозные методы повышения неспецифической резистентности организма. Хрономедицина. Биологическая обратная связь, биотехнические системы и технологии.

Официальный сайт Конгресса: www.LFBM-congress.spb.ru