

Научная статья

УДК 575.133

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01



Транскрипционная активность митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника

М. С. Макаренко¹, В. А. Гаврилова²¹Институт проблем передачи информации имени А.А. Харкевича Российской академии наук, Москва, Россия²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия**Автор, ответственный за переписку:** Макаренко Максим Станиславович, mcmakarenko@yandex.ru

Актуальность. Генетическое устройство растительных клеток подразумевает скоординированную работу трех геномов: ядерного, пластидного и митохондриального. Гибридизация между генетически разнородными родителями может приводить к изменениям в сложившемся ядерно-цитоплазматическом балансе, что в свою очередь может влиять на уровень и согласованность экспрессии их генов. Изменения транскрипционной активности генов органелл (в частности митохондрий) при отдаленной (межвидовой) гибридизации остаются мало изученными. **Результаты.** В данном исследовании методом количественной ПЦР была проведена оценка уровня транскрипционной активности митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм из коллекции ВИР. По результатам анализа транскрипционной активности митохондриальные гены можно разделить на три группы: гены с относительно высоким уровнем экспрессии – *atp1*, *atp6*, *nad6*, гены со средним уровнем экспрессии – *atp4*, *cox1*, *cox3* и гены с низким уровнем экспрессии – *atp9*, *nad3*. Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) между материнскими линиями и гибридами. Экспрессия гена *nad6* в случае *Helianthus argophyllus* (Torg. & A. Gray) была в 2,6 раза выше по сравнению с линиями культурного подсолнечника. **Заключение.** Отсутствие значимых изменений в экспрессии митохондриальных генов как у внутри-, так и у межвидовых гибридов, вероятно, свидетельствует об отсутствии значительных изменений в регуляции ядерно-цитоплазматических взаимодействий у данных гибридов.

Ключевые слова: внутривидовой гибрид, межвидовой гибрид, митохондриальные гены, подсолнечник, экспрессия генов, *Helianthus argophyllus*

Благодарности: Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ) в рамках научного проекта № 19-34-60006.

Для цитирования: Макаренко М.С., Гаврилова В.А. Транскрипционная активность митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Макаренко М.С., Гаврилова В.А., 2023

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Transcriptional activity of mitochondrial genes in intraspecific and interspecific sunflower hybrids

Maksim S. Makarenko¹, Vera A. Gavrilova²

¹Institute for Information Transmission Problems of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

²N.I. Vavilov All Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg Russia

Corresponding author: Maksim S. Makarenko, mcmakarenko@yandex.ru

Relevance. The genetic structure of plant cells implies the coordinated work of three genomes: nuclear, plastid, and mitochondrial. Hybridization between genetically heterogeneous parents can lead to changes in the established nuclear-cytoplasmic balance, which in turn can affect the level and consistency of their gene expression. Changes in the transcriptional activity of organelle genes (in particular, mitochondria) during distant (interspecific) hybridization remain poorly understood. **Results.** The present study employed the qPCR technique to evaluate the transcriptional activity level of the mitochondrial genes *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, and *cox3* in intra- and interspecific sunflower hybrids and their parental forms from the VIR collection. According to the analyzed transcriptional activity of mitochondrial genes, they can be divided into three groups: genes with a relatively high level of expression – *atp1*, *atp6*, and *nad6*, those with a medium level of expression – *atp4*, *cox1*, *cox3*, and genes with a low level of expression – *atp9* and *nad3*. Comparative analysis showed no significant difference ($P < 0.05$) between maternal lines and hybrids. However, the expression of the *nad6* gene in the case of *Helianthus argophyllus* (Torr. & A. Gray) was 2.6 times higher than in the cultivated sunflower lines. **Conclusion.** The absence of substantial changes in the expression of mitochondrial genes both in intra- and interspecific hybrids indicates the lack of significant changes in the regulation of nuclear-cytoplasmic interactions in these hybrids.

Keywords: intraspecific hybrid, interspecific hybrid, mitochondrial genes, sunflower, gene expression, *Helianthus argophyllus*

Acknowledgments: The study was carried out with the financial support of the Russian Foundation for Basic Research (RFBR) within the framework of the research project No. 19-34-60006

For citation: Makarenko M. S., Gavrilova V. A. Transcriptional activity of mitochondrial genes in intraspecific and interspecific sunflower hybrids. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Makarenko M.S., Gavrilova V.A., 2023

Введение

Растительные клетки содержат два типа органелл и поэтому их стабильное функционирование зависит от согласованной экспрессии хлоропластных, митохондриальных и ядерных генов (Maréchal, Brisson, 2010; Best et al., 2020). При отдаленной (межвидовой) гибридизации могут наблюдаться изменения в эволюционно сложившемся ядерно-цитоплазматическом балансе, что в свою очередь может влиять на уровень и согласованность экспрессии их генов (Giegé et al., 2005; Knoop et al., 2011). Растительные митохондрии включают сотни различных белков, большинство из которых кодируются ядерными генами. Однако некоторые митохондриальные мультибелковые комплексы являются продуктами активности как ядерных, так и митохондриальных генов (Zancani et al., 2020). В связи с этим для нормального функционирования таких сложных комплексов необходимы механизмы, координирующие экспрессию генов в разных компартаментах клетки (Garmash, 2016). Ретроградные сигналы от митохондрий координируют экспрессию ядерных генов, в то время как антероградные механизмы задействованы при передаче сигналов от ядра к органеллам (Leister, 2012; Bock et al., 2014). Некоторые контуры такой сигнализации идентифицированы, а связанные с ними транскрипционные факторы широко изучены (Kleine, Leister, 2016; Wang et al., 2020; Barreto et al., 2022). Однако изменения ретроградной-антероградной сигнализации в растениях с нарушением ядерно-цитоплазматического взаимодействия при отдаленной (межвидовой) гибридизации, остаются мало изученными.

Цель исследования: оценить уровень транскрипционной активности митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм.

Материал и методы

Объектом исследования являлись растения внутривидового гибрида *Helianthus annuus* L. (линия 3629 × линия 398941), двух межвидовых гибридов *H. annuus* (ВИР100А, ВИР114А) × *H. argophyllus* подсолнечника. Также родительские формы данных гибридов: три линии *H. annuus* – фертильная линия 3629 и две линии (ВИР100А, ВИР114А) с цитоплазматической мужской стерильностью (ЦМС) типа РЕТ1, дикорастущая форма *H. annuus* (линия 398941), а также *H. argophyllus*. Исследованные виды культурного и дикорастущего подсолнечника являются образцами из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР, Санкт-Петербург). Растения выращивали в ростовых комнатах с использованием гидропонных установок Ebb&Grow (GHE, Франция) при постоянной температуре 24°C, относительной влажности воздуха 60%, 16-ти часовом световом дне, полностью искусственном освещении. Были использованы квадратные установки, имею-

щие площадь 1 м² (100x100 см). В каждой установке были установлены 7-ми литровые горшки с кокосовым субстратом, по 8 штук на установку. В каждом горшке выращивали 5-6 растений. Гидропонные установки располагались на специальных столах, называемых: основание передвижное для гидропонных установок тип 2. Внешние габаритные размеры столов (длина x глубина x высота) составляли 2000x850x400 мм. Для освещения ростовой комнаты было использовано девять комплектов светильников, состоящих из лампы Nanolux Summit DE 1000W и двухцокольной лампы Nanolux DE CMH 1000W 4000K. Освещенность измеряли с помощью люксметра Мегеон 21130 (URL: <https://www.megeon-pribor.ru> [дата обращения: 01.02.2023]). Эмпирическое значение освещенности составило 22000-25000 люкс.

Материалом исследования служили листовые пластинки (2-я пара листьев, без жилок) 21 дневных проростков подсолнечника. В каждой линии/гибридной комбинации исследовали три повторности. Каждая повторность представляла собой образец из тканей 10 растений. В случае *H. argophyllus* – только две повторности, в каждой из которых были использованы ткани 8 растений.

Листовые пластинки гомогенизировали с помощью ступки и пестика с применением жидкого азота, затем выделяли РНК с использованием набора для колоночного выделения РНК из растений RNA-Xtrac Plants (Биомедицинские инновации, Россия). Выделенную РНК обрабатывали ДНКазой I (Thermo Fisher Scientific, USA) и проводили реакции обратной транскрипции с помощью набора реактивов MMLV RT kit (Евроген, Россия) с использованием случайных декануклеотидных праймеров. Экспрессию митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* определяли методом ПЦР в режиме реального времени с использованием прибора AriaMx Real-time PCR System (Agilent, USA) в двух повторностях. Подбор праймеров осуществлялся с помощью программного обеспечения Primer-BLAST (URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast> [дата обращения: 01.02.2023]) на основе референсного митохондриального генома (accession MN171345.1) с последующей экспериментальной апробацией с использованием градиента температур отжига и анализом ПЦР продуктов методом электрофоретического разделения в агарозном геле. В качестве референсных генов при анализе уровня относительной экспрессии (метод ΔCt) использовали *rps4*, *rpl16* (среднегеометрическое значение их пороговых циклов). Сравнение с контролем (материнские линии 3629, ВИР100А, ВИР114А) проводили методом ΔΔCt, согласно рекомендациям (Bustin et al., 2009), с учетом эффективности ПЦР. Статистическую обработку проводили с использованием U критерия Манна-Уитни с использованием программного пакета RStudio v1.2.5033.

Результаты и обсуждение

Первоочередной задачей исследования был кор-

ректный подбор праймеров для анализа экспрессии генов. Так для каждого гена были подобраны праймеры, отвечающие следующим критериям: отжиг при температуре 60°C, отсутствие нецелевых (побочных) ПЦР продуктов, высокая эффективность реакции (>95%). Результаты подбора праймеров, которые соответствуют всем критериям, представлены в Таблице 1. Выбор митохондриальных генов для анализа экспрессии был сделан не случайно. Эти гены кодируют субъединицы мультибел-

ковых комплексов, находящихся под двойным ядерно-митохондриальным контролем (Bock et al., 2014; Zancani et al., 2020): НАДН-дегидрогеназного комплекса (*nad3*, *nad6*), АТФ-синтазного комплекса (*atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*), цитохром-с-оксидазы (*cox1*, *cox3*). При этом данные гены не содержат интронов и предположительно являются моноцитронными генами, что делает их наиболее подходящими для оценки уровня экспрессии (Bustin et al., 2009) в рамках текущего исследования.

Таблица 1. Последовательности праймеров для исследования транскрипционной активности митохондриальных генов подсолнечника

Table 1. Primer sequences for the study of transcriptional activity of the sunflower mitochondrial genes

Ген/ Gene	Последовательность прямого праймера/ Forward primer sequences (5'-3')	Последовательность обратного праймера/ Reverse primer sequences (3'-5')	Размер ПЦР продукта/ PCR product size
<i>atp1</i>	CCCATGGCACAGCCAGAATA	CAGAAACGCTCAACTGTGGC	140
<i>atp4</i>	CAAGCCCTCCCGAATGAGTT	CCAAATGCCACTTCTTCCCG	135
<i>atp6</i>	AGAAGTGTAACTGACAACGCA	CCTGAGTCCGAGTCTGCATC	106
<i>atp9</i>	CATTGGGGCAAACGATGCAA	CCTCGATTCAATCCGTGGCT	107
<i>nad3</i>	TCGATCCTTTCGGTGATGCC	TGAGAGGTAAGTCCCAAGGA	117
<i>nad6</i>	TGGGAGGTCCGGGTATTCAA	CAAGCCTGGACCCGCTATAC	94
<i>cox1</i>	TCCCATGCCTTCTTGGTTCG	GTGGAGAACAGCCATCGGAC	131
<i>cox3</i>	TGCGGTTTTAGATCCTCGGG	AGAGCCAGTGAAACGGTAGC	150
<i>rps4</i>	CACGTGAGGGATGTGACCTA	TTTGACCTCTTGCTCCACCC	145
<i>rpl16</i>	CTACGGGTTGGATTGCTCGT	GCTAATGTAGCGGCTTGTCG	94

Полученные в ходе исследования значения относительной экспрессии генов (ΔCt) приведены в таблице 2. Согласно результатам анализа транскрипционной активности митохондриальных генов можно их разделить на три условные группы: гены с относительно высоким

уровнем экспрессии – *atp1*, *atp6*, *nad6*, средним – *atp4*, *cox1*, *cox3* и низким – *atp9*, *nad3*. Важно отметить, что все исследуемые гены имели экспрессию выше, чем гены рибосомных белков (*rps4*, *rpl16*), которые использовались для нормализации экспрессии.

Таблица 2. Средние значения относительной экспрессии митохондриальных генов (ΔCt) и значения стандартного отклонения у исследованных линий и гибридов подсолнечника

Table 2. Mean values of relative expression (ΔCt) of mitochondrial genes with standard deviations in studied lines and hybrids

Ген/ Gene	Линия/ гибрид Line/ hybrid							
	3629	398941	ВИР100А	ВИР114А	<i>H. argophyllus</i>	3629 x 398941	ВИР100А × <i>H. argophyllus</i>	ВИР114А × <i>H. argophyllus</i>
<i>atp1</i>	5.46±0.35	5.5±0.3	5.48±0.38	5.52±0.35	5.67±0.44	5.38±0.37	5.45±0.25	5.49±0.31
<i>atp4</i>	3.87±0.45	3.82±0.46	3.99±0.3	3.7±0.5	3.75±0.53	3.86±0.41	3.42±0.47	3.63±0.39
<i>atp6</i>	7.12±0.73	7.76±0.68	7.46±0.35	7.48±0.54	7.93±0.45	8.03±0.9	7.57±0.52	7.17±0.31

Ген/ Gene	Линия/ гибрид Line/ hybrid							
	3629	398941	ВИР100А	ВИР114А	<i>H. argophyllus</i>	3629 x 398941	ВИР100А × <i>H. argophyllus</i>	ВИР114А × <i>H. argophyllus</i>
<i>atp9</i>	2.63±0.21	2.9±0.29	2.85±0.27	2.63±0.21	2.79±0.23	2.81±0.26	3.02±0.31	2.93±0.27
<i>nad3</i>	2.46±0.23	2.48±0.42	2.44±0.31	2.58±0.25	2.33±0.34	2.37±0.29	2.46±0.37	2.61±0.38
<i>nad6</i>	5.18±0.47	4.65±0.4	5.07±0.53	5±0.37	6.49±0.33	5.33±0.11	5.32±0.41	5.18±0.64
<i>cox1</i>	4.21±0.61	4.19±0.47	4.31±0.4	4.25±0.36	4.06±0.55	4.27±0.32	4.14±0.46	4.14±0.55
<i>cox3</i>	3.41±0.25	3.52±0.29	3.76±0.26	3.6±0.31	3.8±0.29	3.14±0.24	3.52±0.3	3.26±0.27

Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) между материнскими линиями и гибридами. Более того, экспрессия генов не отличалась и у родительских форм (3629, 398941, ВИР100А, ВИР114А, *H. argophyllus*) за исключением гена *nad6*. Экспрессия гена *nad6* в случае *H. argophyllus* был в 2,6 раза выше, по сравнению со средним значением транскрипционной активности *nad6* у линий культурного подсолнечника (3629, ВИР100А, ВИР114А).

На сегодняшний день крайне немного работ посвящено изучению процессов происходящих с митохондриальными геномами растений и, в частности, экспрессией генов, при внутри- и межвидовой гибридизации. В случае отдаленной гибридизации у растений может наблюдаться реорганизация в структуре митохондриальной ДНК (Gualberto et al., 2014; Morley, Nielsen, 2017), или смена характера наследования (Makarenko, Gavrilova, 2023; Park et al., 2021) митохондриального генома. В других случаях межвидовая гибридизация не приводит к каким либо изменениям (Chevigny et al., 2020; Makarenko, Gavrilova, 2023) в митохондриальных геномах. Так в наших исследованиях было показано (неопубликованные данные), что митохондриальный геном у межвидового гибрида ВИР114А × *H. argophyllus* полностью соответствует материнской линии ВИР114А. Однако по наличию или отсутствию изменений в структуре митохондриального генома не всегда возможно судить о функциональных изменениях (уровне экспрессии генов), что требует дополнительных исследований. В данном исследовании показано отсутствие значимых изменений в уровне экспрессии митохондриальных генов как у внутри-, так и у межвидовых гибридов. В свою очередь, это может свидетельствовать об отсутствии значительных изменений в регуляции ядерно-цитоплазматических взаимодействий у данных гибридов. Гибридизацию культурного подсолнечника (*H. annuus*) с *H. argophyllus* проводят в селекционных целях, используя последний в качестве донора ценных признаков (Barb et al., 2014; Sujatha, Lakshminarayana, 2007), а также для получения новых источников цито-

плазматической мужской стерильности (Meena et al., 2020). При этом часто межвидовая (и даже внутривидовая) гибридизация могут негативно сказываться на гибридах первого и/или последующих поколений, в том числе из-за изменений ядерно-цитоплазматических взаимодействий (Bohra et al., 2016; Chang et al., 2016). Предположение об отсутствии подобных изменений, выдвинутое в данном исследовании, свидетельствуют о том, что *H. argophyllus* имеет большой потенциал для гибридизации с культурным подсолнечником.

Таким образом, проведена оценка уровня транскрипционной активности митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм. Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) в уровне экспрессии данных митохондриальных генов между материнскими линиями и гибридами. Экспрессия гена *nad6* в случае *H. argophyllus* был в 2,6 раза выше по сравнению с линиями культурного подсолнечника.

Список литературы

- Barb J.G., Bowers J.E., Renaut S., Rey J.I., Knapp S.J., Rieseberg L.H., Burke J.M. Chromosomal evolution and patterns of introgression in *Helianthus*. *Genetics*. 2014;197:969-979. DOI: 10.1534/genetics.114.165548
- Barreto P., Dambire C., Sharma G., Vicente J., Osborne R., Yassitepe J., Gibbs D.J., Maia I.G., Holdsworth M.J., Arruda P. Mitochondrial retrograde signaling through UCPI-mediated inhibition of the plant oxygen-sensing pathway. *Current Biology*. 2022;32:1403-1411.e4. DOI: 10.1016/j.cub.2022.01.037
- Best C., Mizrahi R., Ostersezer-Biran O. Why so complex? The intricacy of genome structure and gene expression, associated with angiosperm mitochondria, may relate to the regulation of embryo quiescence or dormancy – intrinsic blocks to early plant life. *Plants*. 2020;9:598. DOI: 10.3390/plants9050598
- Bock D.G., Andrew R.L., Rieseberg L.H. On the adaptive value of cytoplasmic genomes in plants. *Molecular Ecology*. 2014;23:4899-4911. DOI: 10.1111/mec.12920
- Bohra A., Jha U.C., Adhimooolam P., Bisht D., Singh N.P. Cytoplasmic male sterility (CMS) in hybrid breeding in field crops. *Plant Cell Reports*. 2016;35:967-993. DOI: 10.1007/s00299-016-1949-3
- Bustin S.A., Benes V., Garson J.A., Hellems J., Huggett J.,

- Kubista M., Mueller R., Nolan T., Pfaffl M.W., Shipley G.L., Vandesompele J., Wittwer C.T. The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments. *Clinical Chemistry*. 2009;55:611-622. DOI: 10.1373/clinchem.2008.112797
- Chang C.C., Rodriguez J., Ross J. Mitochondrial – Nuclear Epistasis Impacts Fitness and Mitochondrial Physiology of Interpopulation *Caenorhabditis briggsae* Hybrids. *G3 Genes|Genomes|Genetics*. 2016;6:209-219. DOI: 10.1534/g3.115.022970
- Chevigny N., Schatz-Daas D., Lotfi F., Gualberto J.M. DNA Repair and the Stability of the Plant Mitochondrial Genome. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020;21(1):328. DOI: 10.3390/ijms21010328
- Garmash E.V. Mitochondrial respiration of the photosynthesizing cell. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2016;63:13-25. DOI: 10.1134/S1021443715060072
- Giegé P., Sweetlove L.J., Cognat V., Leaver C.J. Coordination of Nuclear and Mitochondrial Genome Expression during Mitochondrial Biogenesis in Arabidopsis. *The Plant Cell*. 2005;17:1497-1512. DOI: 10.1105/tpc.104.030254
- Gualberto J.M., Mileshina D., Wallet C., Niazi A.K., Weber-Lotfi F., Dietrich A. The plant mitochondrial genome: Dynamics and maintenance. *Biochimie*. 2014;100:107-120. DOI: 10.1016/j.biochi.2013.09.016
- Kleine T., Leister D. Retrograde signaling: Organelles go networking. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*. 2016;1857:1313-1325. DOI: 10.1016/j.bbabi.2016.03.017
- Knoop V., Volkmar U., Hecht J., Grewe F. Mitochondrial Genome Evolution in the Plant Lineage. In: Kempken F. (ed). *Plant Mitochondria*. Springer, New York, NY; 2011. p.3-29. (Advances in Plant Biology (AIPB); vol. 1). DOI: 10.1007/978-0-387-89781-3_1
- Leister D. Retrograde signaling in plants: from simple to complex scenarios. *Frontiers in Plant Science*. 2012;3:135. DOI: 10.3389/fpls.2012.00135
- Makarenko M.S., Gavrilova V.A. NGS Reads Dataset of Sunflower Interspecific Hybrids. *Data*. 2023;8:67. DOI: 10.3390/data8040067
- Maréchal A., Brisson N. Recombination and the maintenance of plant organelle genome stability. *The New Phytologist*. 2010;186:299-317. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2010.03195.x
- Meena H.P., Sujatha M., Pushpa H.D., Lai J.J. Cytomorphological and molecular characterization of inter-specific hybrid between cultivated sunflower and *Helianthus argophyllus*. *Journal of Environmental Biology*; 2020;41:66-72. DOI: 10.22438/jeb/41/1/ MRN-1116
- Morley S.A., Nielsen B.L. Plant mitochondrial DNA. *Frontiers in Bioscience (Landmark Edition)*. 2017;22:1023-1032. DOI: 10.2741/4531
- Park H.S., Lee W.K., Lee S.C., Lee H.O., Joh H.J., Park J.Y., Kim S., Song K., Yang T.J. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in cucumber revealed by four reciprocal F1 hybrid combinations. *Scientific Reports*. 2021;11:2506. DOI: 10.1038/s41598-021-81988-w
- Sujatha M., Lakshminarayana M. Resistance to *Spodoptera litura* (Fabr.) in *Helianthus* species and backcross derived inbred lines from crosses involving diploid species. *Euphytica*. 2007;155:205-213. DOI: 10.1007/s10681-006-9322-1
- Wang Y., Selinski J., Mao C., Zhu Y., Berkowitz O., Whelan J. Linking mitochondrial and chloroplast retrograde signalling in plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2020;375:20190410. DOI: 10.1098/rstb.2019.0410
- Zancani M., Braidot E., Filippi A., Lippe G. Structural and functional properties of plant mitochondrial F-ATP synthase. *Mitochondrion* 2020;53:178-193. DOI: 10.1016/j.mito.2020.06.001

Информация об авторах

Максим Станиславович Макаренко, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Лаборатория №19 (Геномики растений), Институт проблем передачи информации имени А.А. Харкевича Российской академии наук, Россия 127051, г. Москва, Большой Каретный пер. 19, строение 1, mcmakarenko@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0629-3874>

Вера Алексеевна Гаврилова, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, Отдел генетических ресурсов масличных и прядильных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, v.gavrilova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8110-9168>

Information about the authors

Maksim S. Makarenko, Cand. Sci. (Biology), Researcher, Laboratory of Plant Genomics, Institute for Information Transmission Problems of the Russian Academy of Sciences, 19, Bolshoy Karetny Pereulok, Building 1, Moscow, 127051, Russia, mcmakarenko@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0629-3874>

Vera A. Gavrilova, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher, Department of Oil and Fiber Crops Genetic Resources, N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, v.gavrilova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8110-9168>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 31.01.2023; одобрена после рецензирования 03.03.2023; принята к публикации 24.03.2023.

The article was submitted on 31.01.2023; approved after reviewing on 03.03.2023; accepted for publication on 24.03.2023.