

ОБЗОРЫ

УДК 581.1

**СЕРДЕЧНЫЕ ГЛИКОЗИДЫ: РАСПРОСТРАНЕНИЕ, СВОЙСТВА И СПЕЦИФИКА
ОБРАЗОВАНИЯ В КУЛЬТУРАХ КЛЕТОК И ОРГАНОВ РАСТЕНИЙ *IN VITRO***

© 2022 г. С. В. Томилова^{a, b, *}, А. В. Киташов^{a, c}, А. М. Носов^{b, c}

^aУниверситет МГУ-ППИ в Шэньчжэне, Шэньчжэнь, Китай

^bФедеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия

^cФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования “Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова”,
Москва, Россия

*e-mail: lanatomilova@yandex.ru

Поступила в редакцию 01.12.2021 г.

После доработки 05.12.2021 г.

Принята к публикации 05.12.2021 г.

Одной из отличительных особенностей растительного организма является вторичный метаболизм (образование веществ специализированного обмена). Данные по полным сиквенсам растительных геномов свидетельствуют, что от 15 до 25% всех генов задействованы в осуществлении этого процесса (биосинтез обслуживающих его ферментов, транспортеров, трансфакторов), при этом до сих пор неясны многие аспекты вторичного метаболизма, в том числе его физиологические функции. Перспективным подходом к решению фундаментальных и прикладных задач в области специализированного обмена является использование культур клеток и органов высших растений. Механизмы образования вторичных метаболитов в растительных системах *in vitro* с разным уровнем дифференцировки клеток могут существенно отличаться от таковых в интактном растении, что, при сопоставлении этих биологических систем, можно эффективно использовать для изучения принципов регуляции, организации и функционирования вторичного метаболизма. К настоящему времени известно более 100000 соединений специализированного обмена (алкалоиды, изопреноиды, фенольные соединения, ряд “минорных” групп вторичных метаболитов), которые, как правило, являются биологически активными веществами. Это обуславливает их практическую значимость и широкое применение в медицине: на сегодняшний день около трети всех

лекарственных субстанций имеют растительное происхождение. На фоне острого дефицита лекарственного растительного сырья, использование культур клеток и органов растений в качестве источника биологически активных веществ весьма перспективно. Сердечные гликозиды являются одной из важнейших групп вторичных метаболитов, которая уже более двух веков используется в медицине для лечения кардиологических заболеваний. Сейчас интерес к ним существенно возрастает в связи с обнаружением новых свойств – в том числе антивирусной и противоопухолевой активности. В представленном обзоре проведен анализ основных результатов работ, посвященных изучению образования сердечных гликозидов в культурах клеток и органов растений-продуцентов этих соединений.

Ключевые слова: вторичный метаболизм, биологически активные вещества, сердечные гликозиды, карденолиды, буфадиенолиды, культуры клеток и органов высших растений

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ОБЗОРЫ

УДК 581.1

ГАЗОТРАНСМИТТЕР МОНООКСИД УГЛЕРОДА: СИНТЕЗ И ФУНКЦИИ У РАСТЕНИЙ

© 2022 г. Ю. Е. Колупаев^{a, b, *}

^a*Институт растениеводства им. В. Я. Юрьева Национальной академии аграрных наук Украины, Харьков, Украина*

^b*Харьковский национальный аграрный университет им. В. В. Докучаева, Харьков, Украина*

**e-mail: plant.biology.knau@gmail.com*

Поступила в редакцию 26.11.2021 г.

После доработки 30.11.2021 г.

Принята к публикации 30.11.2021 г.

Монооксид углерода (СО) является одной из ключевых молекул-газотрансмиттеров, задействованных в передаче разнообразных сигналов, необходимых для регуляции множества функций живых организмов. В обзоре рассматриваются особенности синтеза СО у растений, приводится краткая характеристика гемоксигеназы как основного фермента, катализирующего образование монооксида углерода. Анализируется участие

СО в процессах роста и развития растений, в частности, прорастания семян, образования корней, старения. Особое внимание уделяется роли монооксида углерода в формировании адаптивных реакций на действие стрессоров различной природы. Рассмотрено участие ионов кальция, АФК и оксида азота как посредников в реализации биологических эффектов СО. Помимо этого анализируется вовлечение монооксида углерода в проявление действия других сигнальных молекул, в том числе и фитогормонов. Приводится краткая характеристика доноров СО и оценивается возможность их использования в биологических экспериментах.

Ключевые слова: газотрансмиттеры, монооксид углерода, гемоксигеназа, устойчивость, защитные реакции, сигнальные посредники, фитогормоны.

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ОБЗОРЫ

УДК 581.1.575.113.1

ФОТОПЕРИОД-ЗАВИСИМЫЕ МЕХАНИЗМЫ ИНИЦИАЦИИ ЦВЕТЕНИЯ

Arabidopsis thaliana L. и *Zea mays* L.

© 2022 г. А. В. Щенникова^{а,*}

^а*Институт биоинженерии Федерального исследовательского центра*

“Фундаментальные основы биотехнологии” Российской академии наук, Москва, Россия

*e-mail: shchennikova@yandex.ru

Поступила в редакцию 02.06.2021 г.

После доработки 03.08.2021 г.

Принята к публикации 04.08.2021 г.

Одомашнивание растений включает их адаптацию к различным климатическим условиям, в том числе к изменениям фотопериода и температуры. Многие генетические локусы одомашнивания ортологичны у отдаленных таксонов. Основные молекулярно-генетические механизмы цветения детально охарактеризованы у модельного растения *Arabidopsis thaliana* L., что составляет основу для изучения и построения моделей цветения других видов растений. Одомашнивание и селекция кукурузы *Zea mays* L. привели к тому, что сегодня у данного вида наблюдается большое разнообразие реакций на продолжительность светового дня при сохранении основного каркаса генетической сети, контролирующей чувствительность к фотопериоду. В обзоре рассмотрены

особенности реакции на фотопериод растений кукурузы в сравнении с модельным видом *Arabidopsis*, включая фенологические гены для селекции кукурузы, являвшиеся мишенью отбора в процессе адаптации *Zea mays* к новым эколого-географическим условиям.

Ключевые слова: кукуруза, одомашнивание, адаптация, цветение, фотопериод, температура, факторы транскрипции

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ОБЗОРЫ

УДК 581.1

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ ПОЛИПЛОИДНЫХ РАСТЕНИЙ НА ПРИМЕРЕ ПШЕНИЦЫ *Triticum aestivum* L.

© 2022 г. С. В. Осипова^{a, b,*}, Р. М. Островская^b, А. В. Третьякова^b

^a Федеральное государственное бюджетное учреждение науки

Сибирский институт физиологии и биохимии растений Сибирского отделения

Российской академии наук, Иркутск, Россия

^b Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования Иркутский государственный университет, Иркутск, Россия

*e-mail: svetlanaosipova2@mail.ru

Поступила в редакцию 29.09.2021 г.

После доработки 29.09.2021 г.

Принята к публикации 30.09.2021 г.

Засухоустойчивость растений – сложный количественный признак, в формировании которого участвует множество генов. На примере аллогексаплоидной пшеницы (*Triticum aestivum* L.) описаны подходы к изучению механизмов засухоустойчивости полиплоидных растений и их генетической и геномной архитектуры от картирования локусов количественных признаков (QTL) на хромосомах до профилирования транскриптомов и выявления стабильных блоков гаплотипов, благоприятных для урожайности в разных условиях доступности воды. Анализ функций идентифицированных кандидатных генов позволил экстраполировать молекулярные события при адаптации к засухе и выявлять уникальные для сортов стратегии адаптации, а также указал на решающую роль перепрограммирования транскрипции в процессе адаптации. Для контроля экспрессии генов функционально важна их физическая ассоциация, однако влияние пространственной организации хроматина и ко-регуляторов транскрипции на экспрессию генов, контролируемых ключевыми хозяйственно-ценными признаками сельскохозяйственных растений, все еще плохо изучено. Ограничено также наше понимание специфики экспрессии генов-гомеологов, участвующих в адаптации к дефициту воды.

2

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, адаптация к засухе, генетическая и геномная архитектура засухоустойчивости, гены-гомеологи, кандидатные гены, профилирование транскриптома, QTL-картирование

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ОБЗОРЫ

УДК 581.1

СОВРЕМЕННЫЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ ОБ АДЕНИЛАТЦИКЛАЗАХ РАСТЕНИЙ

© 2022 г. Л. А. Ломоватская^{a, *}, О. В. Кузакова^a, А. С. Романенко^a

^a Федеральное государственное бюджетное учреждение науки

Сибирский институт физиологии и биохимии растений Сибирского отделения
Российской
академии наук, Иркутск, Россия
*e-mail: LidaL@sifibr.irk.ru

Поступила в редакцию 07.09.2021 г.

После доработки 13.10.2021 г.

Принята к публикации 18.10.2021 г.

Существование аденилатциклаз у растений долгое время считалось недоказанным и лишь в

последние два десятилетия появились новые сведения, уточняющие как биохимические свойства фермента, так и данные о его молекулярной структуре. Поэтому в обзоре обсуждаются особенности функционирования растительных аденилатциклаз в мультимолекулярных комплексах и физиологическое значение этого феномена в реакциях растений на стрессы. Рассматриваются проблемы поиска и успехи в расшифровке нуклеотидных последовательностей аденилатциклаз растений.

Ключевые слова: аденилатциклазы растений, мультиферментный комплекс, нуклеотидные последовательности аденилатциклаз растений

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

Genome-Wide Characterization of Cytokinin Response Regulator in Grape and Expression Analyses during Berry Set Process

L. Biana, b, B. X. Shia, b, K. K Yua, b, D. L. Guoa, b, X. R. Jia, b, P. Y. Nia, b, Y. J. Yanga, b, G. H. Zhanga, b, and Y. H. Yu a, b, *

a College of Forestry, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471023, Henan Province, China

b Henan Engineering Technology Research Center of Quality Regulation and Controlling of Horticultural Plants, Luoyang 471023, Henan Province, China

*e-mail: yuyihe@haust.edu.cn

Received August 31, 2020; revised September 24, 2021; accepted September 25, 2021

Abstract – Cytokinin response regulators (RRs) are a family of transcription factors, which function

as a signal output of the cytokinin two-component signaling pathway, play an essential role in plant

growth and development. They have been identified in many plants, but little is known in grape. Also,

how RR mediated cytokinin signal pathway in grape berry set process is unclear. In this study, employing the tools of bioinformatics we identified the 32 genes of RRs in grape (*Vitis vinifera*), which distributed on 14 chromosomes, and they were divided into three group based on phylogenetic

analysis and conserved domain, including 14 A-type, 11 B-type and 7 pseudo-type RRs. We present

a complete studied of response regulators gene family in grape, phylogenetic analysis, chromosomal

location, conserved motif organization, gene structure. The expression of 32 *VviRRs* in control and

N-(2-chloro-4-pyridyl)-N'-phenylurea CPPU treatment was explored using RNA-seq data, 9 *VviRRs*

differential genes (DEGs) were selected for quantitative real-time PCR (qRT-PCR) verification after

CPPU treatment. Our results provided a foundation for better understanding the mechanism of cytokinin mediated berry set which will be beneficial to make use of synthetic plant growth regulator in cultivation practice.

Keywords: *Vitis vinifera*, berry set, cytokinin response regulators, genome-wide analysis, CPPU

Abbreviations: CPPU – forchlorfenuron, HK – His kinase, RRs – cytokinin response regulators, TCS

– two-component system, TFs – transcription factors, tZ – trans-zeatin.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 3

RESEARCH PAPERS

Complex Phylogeny and Expression Patterns of the NITRATE TRANSPORTER 1/PEPTIDE TRANSPORTER Family Genes in Tomato

X. Liu^a, Y. Gao^{a, b}, K. Li^b, Y. Yin^b, J. Liu^a, Y. Zhu^{a, b, *}

^a School of Agriculture, Jinhua Polytechnic, Jinhua, Zhejiang 321007, China

^b Zhejiang Provincial Key Laboratory of Biotechnology on Specialty Economic Plants, Zhejiang Normal University, Jinhua, Zhejiang 321004, China

*e-mail: zhuyouyin@jhc.edu.cn

Received August 30, 2021; revised September 16, 2021; accepted September 20, 2021

Abstract – The NITRATE TRANSPORTER 1/PEPTIDE TRANSPORTER family (NPF) proteins play important roles in transporting substrates, such as nitrate, peptides, amino acids, dicarboxylates, malate, glucosinolates, indole acetic acid, abscisic acid, and jasmonic acid. However, there is limited information on the *NPF* genes in tomato (*Solanum lycopersicum* L.), in contrast to *Arabidopsis*. Our study aimed to reveal general information about tomato *NPF*s and to analyze the transcriptional responses of some members using plant nitrogen status. We identified 85 *SINPF* genes, and a phylogenetic analysis organized them into nine major clades. Thirty motifs were found based on NPF amino acid sequence alignments. Chromosomal locations and gene duplication events of *SINPF* family genes were also analyzed. An uneven distribution of *SINPF* genes was discovered among tomato chromosomes. Twenty-five *SINPF* genes resulted from whole-genome triplication (WGT)/segmental duplication in Solanaceae. Our results showed that ancient whole-genome triplication and tandem duplication mainly contributed to the expansion of the *SINPF* genes. In the *NPF* family, 19 orthologous genes were identified between tomato and *Arabidopsis*, suggesting that at least 19 *NPF* genes were present in a common ancestor before *Arabidopsis* and tomato differentiated. In addition, we analyzed the expression patterns of the *SINPF* family genes in various tomato tissues. We monitored 49 root-

specific *SINPF* genes that showed varied expression patterns under different N status. Among them, *SINPF9*, -34, -58 and -60 were significantly induced by both low and high levels of nitrate. Our findings provide a foundation for future research on this gene family.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, tomato, *NPF* genes, WGT, tandem duplication, N status, expression analysis.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

Comparative Study on Photosynthetic Capacity of Different Leaves on Short Pod-Branch of *Rosa roxburghii* Tratt. in the Yunnan-Guizhou Plateau

C. Zhang, *, L. J. Weia, X. T. Lia, Y. L. Luoa, H. Yanga, and J. Hua

aLiupanshui Normal University, Liupanshui 553000, Guizhou, China

**e-mail: zhangchaoscu@126.com*

Received September 18, 2021; revised October 02, 2021; accepted October 06, 2021

Abstract –The odd-pinnately compound leaves of short pod-branch surrounding the fruit growth of Roxburgh rose (*Rosa roxburghii* Tratt.) are the source organ of photosynthesis, and the photosynthetic capacity of leaves is an important factor determining the yield. To analyze the relationship between the distribution of palisade cells in different leaf positions and photosynthesis in the flowering and fruiting stage, the microstructure, photosynthetic physiology, and gas exchange parameters of each leaf position were measured. The leaves located in the middle of short pod-branches were rich in columnar cells and showed higher chlorophyll content and, thus, higher light absorption by the leaves than other leaf positions, which conducted to enhanced photosynthesis and outstanding photosynthetic capacity under sufficient light environment. Yet, the first leaf was immature, and the differentiation of mesophyll cells was not completed, which resulted in a weakening of photosynthesis per unit leaf area under adequate light environment. The lower leaves of short pod-branches showed smaller leaf area and looser spongy mesophyll in an environment with light blocking, which resulted in insufficient photosynthetic capacity. Our findings indicate that the photosynthetic conversion ability of the middle leaf of short pod branch is the most prominent. Therefore, regulating leaf mesophyll cells distribution according to leaf position is essential for effective leaf photosynthesis at the flowering and fruit stage in Roxburgh rose.

Key words: *Rosa roxburghii*, reproductive shoot, palisade cell, spongy mesophyll, photosynthesis

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

Morphological and Physiological Characteristics of *Stevia rebaudiana* Cultivated Under Different Nitrogen Supplements and Growth Regulators

**H. Tavakoli Hasanaklou^a, A. Ebadi Khazineh Ghadim^b, F. Moradi^c*, H. Hadavand
Mirzaei^c, and N. Tavakoli Hasanaklou^a**

^a *Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources,
University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran*

^b *Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources,
University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran*

^c *Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education
and Extension Organisation (AREEO), Karaj, Iran.*

**e-mail: foadmoradi@yahoo.com*

Received August 18, 2021; revised November 23, 2021; accepted November 23, 2021

Abstract—Steviol glycosides (SGs) are the important constituents of stevia. SGs biosynthesis is dependent on various nutrients. This study aimed to investigate the effects of nitrogen sources (NO_3^- , NH_4^+ , and NH_4NO_3 each 150% in modified Hoagland solution) and the plant growth regulators including 200 μM cytokinin (i.e., BAP), 200 μM auxin (i.e., NAA), and their combination on leaf yield, branching, and SGs yield through a hydroponic experiment. The data revealed that the application of NH_4NO_3 + BAP increased the outgrowth of buds and branching due to a decrease in endogenous auxin and abscisic acid concentrations. Results also showed that there were significant negative correlations between developed axillary buds and branching with endogenous auxin and abscisic acid concentrations. Compared to the control, growth parameters including stem dry weight (567%) and total dry weight (358%) in the first year and leaf dry weight (160%) and height (483%) in the second year significantly increased when the combination of NH_4NO_3 and BAP was used. The highest stevioside concentration was observed at using NH_4NO_3 and BAP + NAA in both 2018 and 2019. Besides, the highest rebaudioside-A concentration was detected as NO_3 and NAA were applied during the second year. However, the rebaudioside-B and steviolbioside concentrations were declined when plants were subjected to both nitrogen sources and plant growth regulators. Conclusively, the data acquired herein provided valuable clues as to how to successfully achieve the high productivity of stevia plant and biosynthesis of SGs under greenhouse conditions.

Keywords: Stevia rebaudiana, bud outgrowth, dulcoside-A, endogenous hormones, rebaudioside, steviolbioside

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 3

Biodiversity of Photosynthetic Pigments, Macronutrients Uptake and Fruit Quality of Tomato Genotypes

M. M. Abdelkader^{a, *}, H. M. A. Elsayed^b

^a*Horticulture Department, Faculty of Agriculture, Sohag University, Egypt*

^b*Genetics Department, Faculty of Agriculture, Sohag University, Egypt*

^{*}*e-mail: m.abdelkader@agr.sohag.edu.eg*

Received July 24, 2021; revised August 16, 2021; accepted September 30, 2021

Abstract – Screening genotypes considers an effective method to enhance genetic improvement before releasing plant breeding program efforts based on the observed variation. This study investigates the genotypic diversity of photosynthetic pigments, macronutrient uptake of tomato leaves and fruit quality. It also measures the correlation coefficient of fruit quality traits with their leaves' physical-chemical parameters of twelve tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes ('6416 F1', '218 F1', 'Bokary', 'Chizhik', 'Corrida', 'Delfo F1', 'Fokker F1', 'Goldstone', 'Malinovka', 'Petrovsky', 'Siberian', and 'Tyler F1'). Tomato genotypes varied concerning chlorophyll, carotene, macronutrient contents in their leaves and characteristics of fruit quality. The highest values for tomato fruit quality such as ASA, lycopene, TSS, maturity degree and taste index were obtained from '218 F1', 'Fokker F1' and 'Siberian' genotypes. ASA, DM, TSS, and taste index of tomato fruits positively correlates with photosynthetic pigments, nitrogen and potassium contents of tomato leaves. There was a negative correlation of maturity degree with nitrogen and phosphorus contents. Inserting '218 F1', 'Fokker F1' and 'Siberian' genotypes into tomato breeding programs for increased TSS, lycopene, taste index in tomato fruits is subject to these challenges because these traits had very high heritability ratios (95.6, 98.1 and 95.3 %). Furthermore, ten primers showed a total of 45 amplified products to perform RAPD Analysis. Primers OPA-03, OPG-09, OPA-02, OPA-01 and OPA-14 viewed the highest values for polymorphism percentage P%, polymorphism information content (PIC), marker index (MI) and Resolving power (Rp), respectively. UPGMA cluster analysis divided genotypes into three groups. The first cluster was the largest and contains seven genotypes, while the third one was the smallest contains two genotypes. Single marker analysis indicated that the associated markers with studied biochemical traits were probably candidate markers linked to them.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, chlorophyll, nutrients uptake, ascorbic acid, nitrate content, maturity, heritability, RAPD marker.

RESEARCH PAPERS

The Mechanisms of Pod Zone Nitrogen Application on Peanut Pod Yield

L. Hou^{a,b,#}, R. Lin^{a,b,#}, X. Wang^{a,b}, H. Li^b, C. Zhao^a, X. Zhu^{a,b}, C. Li^a, G. Li^{a,*}

^a*Institute of Crop Germplasm Resources, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Shandong Provincial Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Ecology and Physiology, Jinan 250100, PR China*

^b*College of Life Science, Shandong Normal University, Jinan 250014, PR China*

**e-mail: ghli66@126.com*

Received July 29, 2021; revised October 11, 2021; accepted October 12, 2021

ABSTRACT – Peanut (*Arachis hypogaea* L.) is a geocarpic plant, which absorbs nutrients not only through roots but also through pods. However, the effect of nitrogen fertilizer application in pod area on pod gene expression and peanut yield is unknown. In this study, we determined the pod yield, dry matter accumulation, nitrogen accumulation in different organs under different nitrogen treatment in root zone and pod zone. The results showed that pod area application of nitrogen led to significantly higher pod yield to compare with the control. The application of 60 kg/hm² nitrogen at the pod area led to the highest pod yield, full fruit rate and plant nitrogen content. ¹⁵N directly absorbed by pods was mainly accumulated in the shell at early stage of pods development, and then transferred to seeds at later period. However, the ratio of ¹⁵N absorbed directly by pods from soil was low, only about 10%. To understand the underlying molecular mechanisms, immature pods of different developmental stages were collected for gene expression analysis. The expression levels of several genes encoding *ABC type transporter* family, *nitrate reductase*, *nitrite reductase* and *glutamine synthetase* increased in different stages of pod development upon pod area nitrogen application. These results indicated that the efficiency of N assimilation and glutamate metabolic cycle in pods was increased under pod nitrogen application. The expression levels of several genes in gibberellin and brassinolide biosynthesis pathways were also up-regulated, suggesting that these two hormones were involved in the promoting effect of pod nitrogen application on pod growth.

Keywords: *Arachis hypogaea*, peanut, nitrogen application, pod zone, pod yield, molecular mechanism

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

ВЛИЯНИЕ АУКСИНОВ И ЦИТОКИНИНОВ НА РОСТОВЫЕ И БИОСИНТЕТИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ СУСПЕНЗИОННОЙ КУЛЬТУРЫ КЛЕТОК *Tribulus terrestris* L.

© 2022 г. А. Г. Ключин^{a,*}, С. В. Томилова^a, Д. В. Кочкин^{a,b}, Б. А. Галишев^c, А. М.
Носов^{a,b,**}

^aФедеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии
растений им. К. А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия

^bФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
образования “Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова”,
Москва, Россия

^cФедеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего
образования “Уральский федеральный университет имени первого Президента России Б.
Н. Ельцина”, Екатеринбург, Россия

*e-mail: andreyklyushin@list.ru

**e-mail: al_nosov@mail.ru

Поступила в редакцию 11.10.2021 г.

После доработки 19.10.2021 г.

Принята к публикации 19.10.2021 г.

Продолжен цикл работ по изучению влияния синтетических фитогормонов на ростовые и биосинтетические параметры суспензионной культуры клеток якорцев стелющихся *Tribulus terrestris* L., и исследовано влияние цитокининов на эти характеристики. В дополнение к ранее полученным результатам об альтернативном действии двух аналогов ауксинов – 2,4-Д и α-НУК (первый из них активирует рост клеток *in vitro*, но тормозит образование стероидных гликозидов, второй – вызывает цитодифференцировку, приводящую к замедлению и остановке роста культуры, но активирует образование вторичных соединений) показано, что природа цитокинина и его концентрация может модулировать действие этих ауксинов. Установлено, что после перевода культуры с «ростовой» среды (содержащей 2,4-Д) на среду с α-НУК и различным составом

цитокининов (БАП или кинетин в различных концентрациях) она сохраняет способность к активному росту в течение как минимум 3-х циклов выращивания. Затем, при неоптимальной комбинации фитогормонов, культура клеток перестает расти и погибает. Однако при определенном составе регуляторов роста в питательной среде (1 или 2 мг/л α -НУК + 1 мг/л кинетина) после длительной лаг-фазы (12 – 18 суток) рост культуры возобновляется и впоследствии возможно ее длительное культивирование. На среде с 2 мг/л α -НУК и 1 мг/л кинетина суспензию *T. terrestris* поддерживали в течение 70 циклов выращивания без ухудшения ростовых характеристик (максимальный уровень накопления сухой биомассы M_{\max} – 12–16 г/л, индекс роста I – 13–18, удельная скорость роста μ – 0.18–0.28 сут⁻¹). Содержание стероидных гликозидов в клетках при этом не опускалось ниже 0.2 – 0.3% к сухой биомассе. С использованием метода UPLC-ESI-MS показано наличие в клеточной биомассе как минимум 4 стероидных гликозидов фураностанолового ряда – производных гидрокси-диосгенина и тигогенина/неотигогенина. Полученные результаты подтверждают общие закономерности развития популяций клеток *in vitro* и важны для оптимизации ростовых и биосинтетических характеристик культур клеток высших растений.

Ключевые слова: *Tribulus terrestris*, суспензионная культура клеток, регуляторы роста, ауксины, цитокинины, фураностаноловые гликозиды

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЙ (ИНТЕГРАЦИОННЫЙ) ПОДХОД ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ПАРАМЕТРОВ ФЛУОРЕСЦЕНЦИИ ХЛОРОФИЛЛА ЛИСТЬЕВ РАСТЕНИЙ

□ 2022 г. Т. В. Нестеренко^a, А. А. Тихомиров^{a,b}, В. Н. Шихов^{a,*}

^aИнститут биофизики Сибирского отделения Российской академии наук, Федеральный исследовательский центр “Красноярский научный центр Сибирского отделения Российской академии наук”, Красноярск, Россия

^bСибирский государственный университет, Красноярск, Россия
*e-mail: v_shikhov@ibp.ru

Поступила в редакцию 22.03.2021 г.

После доработки 19.11.2021 г.

Принята к публикации 29.11.2021 г.

На примере листьев пшеницы *Triticum aestivum* L. и растений редиса *Raphanus sativus* var. *radicula Pers.* сорта "Вировский белый" изучали возможность использования интегральных характеристик медленной стадии индукции флуоресценции хлорофилла (ИФХ) для мониторинга физиологического состояния растений в ценозах в условиях светокультуры. Исследовали поведение $T_{0.5}$ (время полуспада интенсивности флуоресценции хлорофилла от максимума к стационарному уровню), R_{fd} (индекс спада флуоресценции, известный также как "индекс жизнеспособности"), параметра \bar{V}_{max} (максимально возможная средняя скорость индукционного перехода) и $\bar{\alpha}$ (средняя эффективность ФСА в индукционный период) в онтогенезе листа. Объектом исследования служили высечки разновозрастных равномерно освещенных листьев верхнего (шестого) яруса растений пшеницы и высечки вторых (по мере появления) настоящих листьев редиса в возрасте от 3 до 24 дней. Растения выращивали в контролируемых условиях вегетационных камер методом гидропоники на керамзите при облученности 100 Вт/м² фотосинтетически активной радиации (ФАР). Регистрацию кривых ИФХ проводили на однолучевой установке. Величина параметра $T_{0.5}$ незначительно изменялась на протяжении онтогенеза листьев и до момента их старения (26-суточный возраст). Показатель относительных изменений величин параметров ИФХ (\square отн., %) в возрастном периоде с 2 до 24 сут составлял для $\bar{\alpha}$ 28% и $T_{0.5}$ – 30%. Для \bar{V}_{max} и R_{fd} значения соответствовали 67 и 70%. При дальнейшем старении и сравнении параметров 24- и 26-суточных листьев наблюдали в наибольшей степени изменения значений для $T_{0.5}$ (на 37.6%) и \bar{V}_{max} (на 36.0%) и в меньшей степени для $\bar{\alpha}$ (на 23.0 %) и R_{fd} (на 13.0%). Таким образом, наблюдаемые нами особенности в поведении параметра $T_{0.5}$ в онтогенезе листьев пшеницы в сравнении с изменениями значений других флуоресцентных параметров медленной стадии ИФХ (R_{fd} , $\bar{\alpha}$ и \bar{V}_{max}) подтверждают перспективность использования $T_{0.5}$ в качестве одного из наиболее простых интегральных показателей физиологического состояния и индикатора патофизиологических (необратимых) изменений листьев растений в широком возрастном диапазоне и при старении. Для однозначной интерпретации данных при использовании параметра $T_{0.5}$ в стрессовых условиях для оценки необратимости наблюдаемых изменений ФСА необходимы дальнейшие исследования.

Ключевые слова: *Triticum aestivum* L., *Raphanus sativus* var. *radicula Pers.*, индукция флуоресценции хлорофилла, онтогенез листьев растений, интегральные показатели ИФХ

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

Stress Reactions of Maize Genotypes to Drought Stress at Different Phenophases and Recovery

B. Sarkar^{a,*}, S. K. Savita^a, Y. Varalaxmi^a, M. Vanaja^a, N. Ravi Kumar^a, P. Sathish^a, N. Jyothi Lakshmi^a, M. Prabhakar^a, A. K. Shanker^a, S. K. Yadav^a, and M. Maheswari^a

*^aICAR-Central Research Institute for Dryland Agriculture, Santoshnagar, Hyderabad,
Telangana, India*

**e-mail: B.Sarkar@icar.gov.in; basudeb70@gmail.com*

Received July 20, 2021; revised September 28, 2021; accepted October 25, 2021

Abstract – Maize (*Zea mays* L.) cultivated worldwide, is often exposed to various biotic and abiotic stresses affecting productivity. We evaluated three maize genotypes, SNJ201126, Z10115 and HKI161 for morpho-physiological, biochemical and anti-oxidative enzyme related traits under well watered control and drought stress conditions. Plants were subjected to different intensity of drought stress inside rainout shelter. The genotypes SNJ201126 and Z10115 maintained higher relative water content, chlorophyll, proline and canopy temperature depression and higher activities of antioxidative enzymes such as superoxide dismutase, catalase, guaiacol peroxidase, and glutathione reductase as compared to HKI161 under stress conditions. All genotypes showed a decreasing trend for these traits with the increasing severity of stresses. Stress recovery was better in SNJ201126 and Z10115 when compared to HKI161. The variation in physiological and enzymatic activities between genotypes was also reflected in their differences in yield and its attributes. The higher drought tolerance and recovery capability of SNJ201126 and Z10115 were associated with more effective maintenance of leaf water status and efficient antioxidative systems to protect themselves from oxidative damage which is critical to withstand and survive the rapidly changing climate.

Keywords: *Zea mays*, drought, relative water content, proline, photosynthesis, antioxidative enzyme, seed yield

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1

СТРЕСС-ПРОТЕКТОРНОЕ ДЕЙСТВИЕ ФУРОСТАНОЛОВЫХ ГЛИКОЗИДОВ НА КУЛЬТИВИРУЕМЫЕ КЛЕТКИ ЛЮЦЕРНЫ В УСЛОВИЯХ ГИПОТЕРМИИ И ГИПЕРОСМОТИЧЕСКОГО СТРЕССА

© 2022 г. Л. А. Волкова^a, В. В. Урманцева^a, А. Б. Бургутин^a, А. М. Носов^{a, b, *}

^a*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия*

^bФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования “Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова”,

Москва, Россия

*e-mail: al_nosov@mail.ru

Поступила в редакцию 16.10.2021 г.

После доработки 23.11.2021 г.

Принята к публикации 24.11.2021 г.

Проведено изучение механизмов адаптогенного действия фураностаноловых гликозидов (ФГ) на клетки растений *in vitro* и осуществлено сопоставление воздействия гипотермии и гиперосмотического стресса на суспензионную культуру клеток люцерны (*Medicago sativa* L.) Показано, что популяция клеток люцерны *in vitro* обладает функциональными особенностями, определяющими разную чувствительность к действию указанных абиотических стрессоров, что выражалось в разном уровне жизнеспособности клеток: высокой (85%) в условиях гипотермии и низкой (25%) при гиперосмотическом воздействии. Гипотермия стимулировала скорость генерации супероксид-аниона ($O_2^{\cdot-}$), ей сопутствовала высокая конститутивная активность антиоксидантных ферментов (гваякол-зависимой пероксидазы, аскорбатпероксидазы и глутатионпероксидазы), уровень которых отражает компенсаторный потенциал клеток. Сохранение высокого уровня жизнеспособности клеток при действии гипотермии, несмотря на 40% повышение скорости генерации $O_2^{\cdot-}$, свидетельствует о том, что образовавшиеся активные формы кислорода не вызвали повреждения липидных структур и макромолекул в клетках. Экзогенная обработка ФГ при этом виде стрессового воздействия способствовала повышению активности антиоксидантных ферментов, однако не оказывала заметного влияния на изначально высокий уровень жизнеспособности клеток. В условиях гиперосмотического стресса предварительное воздействие ФГ приводило к 3-кратному увеличению выживаемости клеток (с 25 до 73%) и повышению на 30% активности растворимой пероксидазы по сравнению с ее уровнем при влиянии только стрессора. Воздействие ФГ также вызывало повышение активности антиоксидантных ферментов, снижение уровня перекисного окисления липидов и повышение активности ферментов малатдегидрогеназного (МДГ) комплекса. Однако, в отличие от гипотермии, наблюдаемые изменения вызвали существенное повышение жизнеспособности клеток люцерны *in vitro*. На увеличение образования осмолитов в реакциях НАД/НАД·Н-МДГ указывало повышенная в сравнении с контролем концентрация осмотика (маннита), вызывающего начальную степень плазмолиза клеток. Обсуждаются особенности

культуры клеток люцерны, влияющие на специфику ее стресс-устойчивости, возможные механизмы защиты клеток *in vitro* при гипотермии и гиперосмотическом стрессе и роль ФГ в этих процессах.

Ключевые слова: *Medicago sativa*, суспензионная культура клеток, фураностаноловые гликозиды, гипотермия, гиперосмотический стресс, антиоксидантные ферменты

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2022, том 69, № 3

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫЕ СТАТЬИ

УДК 581.1.575.11:575.167

ИЗМЕНЕНИЕ АКТИВНОСТИ ГЕНОВ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ *TaNAC69*, *TaDREB1*, *TabZIP60* У РАСТЕНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПРИ ВОДНОМ ДЕФИЦИТЕ И ГИПОТЕРМИИ

© 2022 г. Е. А. Заикина^{а,*}, Х. Г. Мусин^а, А. Р. Кулуев^а, В. И. Никонов^б, А. М.
Дмитриев^с, Б. Р. Кулуев^а

^аИнститут биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение
Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук,
г. Уфа, Россия

^бБашкирский институт сельского хозяйства – обособленное структурное подразделение
Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук,
г. Уфа, Российская Федерация

^сФедеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего
образования “Башкирский государственный аграрный университет”, Уфа, Россия

* e-mail: evisheva@yandex.ru

Поступила в редакцию 24.09.2021 г.

После доработки 25.11.2021 г.

Принята к публикации 25.11.2021 г.

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum* L.) является важнейшей продовольственной культурой в мире. Отрицательное влияние на урожайность пшеницы оказывают стрессовые факторы, прежде всего, засуха и гипотермия. Транскрипционные факторы (ТФ) являются перспективной мишенью для повышения устойчивости растений к стрессу из-за их способности контролировать экспрессию большого числа защитных генов. Наиболее

значимыми регуляторами реакций стрессоустойчивости являются следующие семейства ТФ: NAC, DREB и bZIP. Нами проведен анализ изменений относительного содержания транскриптов генов *TaNAC69*, *TaDREB1*, *TabZIP60* у семи сортов и двух перспективных селекционных линий мягкой пшеницы при засухе и гипотермии. Изменения уровней экспрессии этих генов коррелировали с такими параметрами стрессоустойчивости, как относительное содержание воды, пролина и малонового диальдегида. Для гена *TaNAC69* было характерно повышение относительного содержания транскриптов при засухе во всех изучаемых сортообразцах, гипотермия вызывала гораздо меньшие изменения в профиле экспрессии этого гена. При действии гипотермии и засухи наибольшее содержание транскриптов гена *TaDREB1* было выявлено у линии Л43466, у гена *TabZIP60* при засухе максимальные значения транскрипционной активности показала также линия Л43466. Наибольшее относительное содержание транскриптов при действии стрессовых факторов среди всех изучаемых генов показала линия Л43466, что может говорить о ее наибольшей перспективности для дальнейшей селекции.

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, гипотермия, засуха, стрессоустойчивость, транскрипционные факторы.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 3

RESEARCH PAPERS

Paclbutrazol Can Enhance the Thermal-Tolerant on Herbaceous Peony (*Paeonia lactiflora*)

J. S. Menga, M. Lia, Z. J. Haoa, D. Q. Zhaoa, J. Taoa,b,*

aCollege of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University, Yangzhou, 225009, China

bJoint International Research Laboratory of Agriculture and Agri-Product Safety, the Ministry of

Education of China, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

**e-mail: taojun@yzu.edu.cn, taojunyzu@163.com*

Received September 17, 2021; revised November 10, 2021; accepted November 11, 2021

Abstract – As an excellent ornamental flower, herbaceous peony (*Paeonia lactiflora* Pall.) was introduced to south region of the Yangtze River with continuous high temperature in summer. However, herbaceous peony is adaptable to cool and dry environment but not adaptable to high temperature in summer. Therefore, how to alleviate the high temperature stress injury to herbaceous

peony is an urgent problem to be solved. In this study, the effects of exogenous paclbutrazol (PBZ)

on alleviate the high temperature stress injure to herbaceous peony were examined under high temperature stress. The results showed that exogenous PBZ treatment on herbaceous peony under

high temperature can reduce the electrolyte leakage rate and the degree of membrane lipid peroxidation, restrain the production of superoxide anion (O₂

-) and the hydrogen peroxide (H₂O₂),

and increase the activities of catalase (CAT) and superoxide dismutase (SOD). Additionally,

comprised with control, exogenous PBZ could improve the photosynthesis, reduce the damage

degree of cell structure. Moreover, PBZ induced high temperature-tolerant related genes expression to different degrees. These results indicated that PBZ decreased the deleterious effect of high temperature stress on herbaceous peony growth by reducing membrane lipid peroxidation, activating photosynthesis, and protecting cell structures. These findings indicate the crucial role of PBZ in high temperature stress mitigation and its potential application for managing high temperatures in herbaceous peony cultivation.

Keywords: *Paeonia lactiflora*, high-temperature stress, paclobutrazol, antioxidant, photosynthesis.

Abbreviation: PBZ – paclobutrazol; REC – relative electrical conductivity; MDA – malondialdehyde; *P_n* – net photosynthesis rate; *Tr* – transpiration rate; *G_s* – stomatal conduction; *C_i*

– intercellular CO₂ concentration; WUE – water utilization efficiency; *F_v/F_m* – the maximum PSII

photochemical efficiency; *Y(II)* – the actual photosynthetic efficiency of photosystem II; *Y(NO)*

–
2

the quantum yield of non-regulated non-photochemical energy loss; *Y(NPQ)* – the quantum yield of

regulated non-photochemical energy loss; HSP – heat stress protein.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

The Role of Organic Acids and Thiol Compounds in Detoxification and Tolerance of Zn Stress in Two Populations of Harmel

K. Mahdavian*

Department of Biology, Faculty of Science, Payame Noor University, Tehran 19395-3697, Iran

**e-mail: k.mahdavian@pnu.ac.ir*

Received July 16, 2021; revised November 05, 2021; accepted November 05, 2021

Abstract – The present study aimed to investigate the effects of Zn exposure (0, 1, 5, 15, 30 ppm Zn) on harmel seedlings. Two populations (metallicolous and non-metallicolous) were compared in terms of the role of soluble sugars, proline, anthocyanin, reducing sugars, cysteine, total free amino acids, ascorbate, dehydroascorbate, glutathione, hydrogen peroxide (H₂O₂), lipid peroxidation, thiol compounds, organic acids, biomass and Zn concentration. The Zn concentration in plants from metallicolous and non-metallicolous populations was similar, not significantly different. The results of hydroponic culture showed that the increase of Zn

concentrations in the nutrient solution increased soluble sugars, proline, anthocyanin, reducing sugars, cysteine, total free amino acids, ascorbate, dehydroascorbate, glutathione, thiol compounds, and organic acids. In other words, the contents of H₂O₂ and lipid peroxidation in metallicolous populations were lower than non-metallicolous populations under Zn stresses. However, with increasing Zn stresses, the concentration of non-protein thiols increased compared to the concentration of glutathione, which indicates the accumulation of phytochelatin. Also, plants exposed to Zn showed a significant increase in malate, citrate, and oxalate but fumarate, and acetate were significantly reduced. These results indicated that the metallicolous population of harmel had a greater capacity than the non-metallicolous population to adapt to oxidative stress caused by Zn stress, and antioxidative defense in the metallicolous population of harmel might play a key role in detoxification and tolerance of Zn. In conclusion, the above results show that harmel may have a detoxification mechanism to counteract high concentrations of Zn.

Keywords: *Peganum harmala*, amino acids, phytochelatin, glutathione, ascorbate

Abbreviations: ASC – ascorbate; DHA – dehydroascorbate; GSH – glutathione; PC – phytochelatin.

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No. 3

RESEARCH PAPERS

Physiological Exploration of Intra-Specific Variability in Salinity Tolerance of Amaranth M. Tebini^a*, D.T. Luu^b, K. Mguis^c, H. Ben Ahmed^a, A. Meddich^d, F. Zribi^e, and A. Chalh^a

^a*Mixed Tunisian-Moroccan Laboratory of Plant Physiology and Biotechnology and Climate Change (LR11ES09), Faculty of Sciences of Tunis, Tunis, EL Manar University 2092, Tunisia*

^b*BPMP, CNRS, INRAE, Institut Agro, University of Montpellier, 34060 Montpellier, France*

^c*Laboratory of Responses of Plants to Abiotic Stress Faculty of Sciences of Tunis (FST),
University of Tunis, EL Manar 2092, Tunisia*

^d*Mixed Tunisian-Moroccan Laboratory of Plant Physiology and Biotechnology and Climate Change, Faculty of Sciences Semlalia of Marrakech, Cadi Ayyad University 46000, Morocco*

^e*Laboratory of Extremophile Plants (LPE), Center of Biotechnology of Borj-Cedria (CBBC)
Hammam-lif, Tunisia*

**e-mail: tebini1993@gmail.com*

Received July 09, 2021; revised September 30, 2021; accepted October 01, 2021

Abstract – Soil salinity is one of the most significant environmental problems that negatively affect crop growth and productivity due to the high concentration of sodium (Na^+) ions in agricultural lands. Amaranth (*Amaranthus caudatus* L.) has been proposed as a robust alternative to traditional cereal crops in areas likely to be affected by increased salinity in the future. This work investigates the physiological and biochemical responses of three genotypes of amaranth ('Red', 'Green' and 'Pony' genotypes) to different gradual levels of salinity (100 and 200 mM). It was shown that a treatment with 100 mM NaCl improved significantly leaf and root dry biomass with maintenance of water content particularly 'Green' present the best dry biomass. The net CO_2 assimilation rate (P_N), stomatal conductivity (g_s), transpiration rate (E) and water use efficiency (WUE) decreased significantly with the intensity of saline stress. By the same, intercellular concentration of CO_2 decreased in 'Red' and 'Pony' genotypes while it increased in 'Green' genotypes. Therefore, salt tolerance in amaranth is strongly linked to ion homeostasis with an ability to accumulate Na^+ in the stems to protect the leaves and the maintenance of high K^+/Na^+ ratio in the leaves. A significant increase in antioxidant enzyme activity; catalase (CAT), ascorbate peroxidase (APX) and guaiacol peroxidase (GPOX) in leaves and roots and an accumulation of proline. Amaranth may then be considered as a promising crop in arid and semi-arid regions affected by salinity.

Keywords: *Amaranthus caudatus*, salinity, growth, photosynthesis rate, stomatal conductance

Russian Journal of Plant Physiology, 2022, Vol. 69, No 3

RESEARCH PAPERS

Impact of Hypersalinity on Two Salt -Stressed Varieties of rice (*Oryza sativa*): A the Comparative Study

S. Srivastava^a, R. da Silva^b, P. K. Sharma^{a,*}

^a*Department of Botany, Goa University, Taleigao, Goa, India*

^b*CSIR-National Institute of Oceanography, Dona Paula, Goa, India*

**e-mail: pksharma@unigoa.ac.in*

Received July 22, 2021; revised August 21, 2021; accepted November 02, 2021

Abstract – A comparative study evaluation of response of salt stress on different of oxidative and changes in the profile of fatty acids in two varieties of rice (*Oryza sativa*) has been portrayed in our work. 'Jaya' variety of rice exhibited greater amount of membrane stability (MSI), hydrogen

peroxide (H₂O₂) and hydroxyl radical (OH•) and protein carbonyl production compared to those of 'Korgut' rice variety under salinity stress. GC-MS analysis confirms that the composition of fatty acids in leaves of both varieties was established primarily by 16:0 and 18:0 (primary saturated fatty acids) and 18:1 ω -9, 18:2 ω -6 and 18:3 ω -3 (primary unsaturated fatty acids). The 'Jaya' variety showed higher levels of saturated fatty acids in membrane lipids than the 'Korgut' variety. In contrast, the 'Korgut' variety displayed an enhanced level of unsaturated fatty acid (linolenic and oleic acids), which is one of the characteristics responsible for making 'Korgut' more tolerant than the 'Jaya' variety. At the same time, 'Korgut' showed a much higher level of total fatty acid content than that of the 'Jaya' variety. In 'Jaya', the alpha-Linolenic acid (18:3 ω 3) has been observed only in control, and was absent in treated ones, inferring that salinity alters the nutritional value of the rice seedling. However, 18:3 ω 3 was detected in the 'Korgut' variety at all concentrations of NaCl, indicating the probability of its role in maintaining membrane fluidity and a defense mechanism against salinity stress. These pieces of evidence indicate that these fatty acids are potential molecular markers, useful for genetic programs as well as for future basic studies on salt tolerant behavior of rice.

Keywords: *Oryza sativa*, fatty acid composition, membrane stability, oxidative damage, salinity.