

ГЕНЕТИКА КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ

Краткое сообщение

УДК 575.2:633.33

DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-143-149



TFL1-подобные гены у контрастных по типу роста образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp.

Е. А. Крылова¹, Е. К. Хлесткина^{1,2}

¹ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

² Научно-технологический университет «Сирiuс», Центр генетики и наук о жизни, Краснодарский край, Россия

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Александровна Крылова, e.krylova@vir.nw.ru

Актуальность. *Vigna unguiculata* (L.) Walp. относится к важным бобовым культурам. Производители сельскохозяйственной продукции отдают предпочтение сортам, пригодным к механизированному возделыванию, с детерминантным типом роста стебля. Архитектоника растения в большой степени зависит от функционирования клеток апикальной меристемы, а переход к репродуктивной стадии находится под контролем комплекса генов, к числу которых относится ген *TFL1*. Анализ генов, отвечающих за характер типа роста стебля, актуален для более эффективного и быстрого создания высокотехнологичных сортов.

Материалы и методы. С использованием метода секвенирования по Сэнгеру изучена первичная структура *TFL1*-подобных генов у шести образцов вигны с разным типом роста и архитектурой.

Результаты. Секвенированы и проанализированы промоторные и кодирующие участки *TFL1*-подобных генов *VuTFL1.1*, *VuTFL1.2*, *VuATC* и *VuBFT*. Информация о генах размещена в базе нуклеотидных последовательностей NCBI. Сравнительное исследование показало, что в экзонах отличий между разными генотипами нет. Найдены перестройки в интронах и промоторной области, однако связь между этими перестройками и фенотипом по типу роста и архитектонике не прослеживается.

Заключение. Для понимания роли *TFL1*-подобных генов вигны целесообразно в дальнейшем получить по данным генам нокаутные линии и исследовать их фенотип. Вместе с тем полученные результаты указывают на необходимость рассмотрения более широкого круга генов вигны, потенциально связанных с изменчивостью типа роста стебля и архитектоники растений.

Ключевые слова: тип роста растений, вигна, *TFL1*-подобные гены, *TFL1*, *ATC*, *BFT*

Благодарности: работа выполнена при поддержке проекта Российского научного фонда № 21-66-00012.

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Для цитирования: Крылова Е.А., Хлесткина Е.К. *TFL1*-подобные гены у контрастных по типу роста образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2024;185(4):143-149. DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-143-149

GENETICS OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES

Brief report

DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-143-149

***TFL1*-like genes in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. with different growth habit types**

Ekaterina A. Krylova¹, Elena K. Khlestkina^{1,2}

¹ N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

² Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, Krasnodar Territory, Russia

Corresponding author: Ekaterina A. Krylova, e.krylova@vir.nw.ru

Background. *Vigna unguiculata* (L.) Walp. is among important legume crops. Agricultural producers prefer cultivars suitable for mechanized cultivation, with a determinate growth habit type. Plant architectonics depends on the functioning of the apical meristem, while the transition to the reproductive stage is controlled by a set of genes, including the *TFL1* gene. Analyzing the genes responsible for the growth habit type is relevant for more efficient and rapid development of high-tech cultivars.

Materials and methods. Using the Sanger DNA sequencing method, the primary structure of *TFL1*-like genes was studied in six cowpea accessions with different growth habit types and architectonics.

Results. Promoter regions and coding parts of *TFL1*-like genes (*VuTFL1.1*, *VuTFL1.2*, *VuATC*, and *VuBFT*) were sequenced and analyzed. Information about the genes is available in the NCBI nucleotide sequence database. A comparative study showed that there were no exon differences between different genotypes. Rearrangements were found in the introns and the promoter region, but no relationship was traced between these rearrangements and the phenotype in terms of growth habit types or architectonics.

Conclusion. The next step towards understanding the role of *TFL1*-like genes requires obtaining knockout lines based on these genes and studying their phenotype. Meanwhile, the results of this analysis call for a need to consider a wider range of cowpea genes potentially associated with the variability of stem growth habit types and plant architectonics.

Keywords: growth habit type, cowpea, *TFL1*-like genes, *TFL1*, *ATC*, *BFT*

Acknowledgements: this research was supported by the Russian Science Foundation under Project No. 21-66-00012. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

For citation: Krylova E.A., Khlestkina E.K. *TFL1*-like genes in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. with different growth habit types. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(4):143-149. DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-143-149

Введение

Преращение апикальной меристемы побега в меристему соцветия, последующее формирование флоральных меристем и закладка отдельных органов цветка являются важными стадиями в развитии генеративных органов растения. Инициация формирования флоральной меристемы, хорошо изученная на примере *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh., находится под контролем трех основных генов идентичности флоральных меристем *LEAFY (LFY)*, *APETALA1 (AP1)* и *TERMINAL FLOWER1 (TFL1)* (Benlloch et al., 2007). При достижении критического уровня экспрессии гена *LFY* изменяется меристематическая функция клеток апикальной меристемы и происходит закладка флоральных меристем (Weigel, Nilsson, 1995; Benlloch et al., 2007). Антагонистом гена *LFY* является ген *TFL1*, поддерживающий недетерминированность активности апикальной меристемы побега и тем самым задерживающий переход растения к цветению (Benlloch et al., 2007; Moraes et al., 2019; Périlleux et al., 2019). *TFL1* относится к небольшому семейству генов *CENTRORADIALIS / TERMINAL FLOWER 1 / SELF-PRUNING (CETS)*. У *A. thaliana* в состав данного семейства, кроме гена *TFL1*, входят еще 5 генов: *MOTHER OF FT AND TFL1 (MFT)*, *FLOWERING LOCUS T (FT)*, *TWIN SISTER OF FT (TSF)*, *BROTHER OF FT AND TFL1 (BFT)*, *ARABIDOPSIS THALIANA CENTRORADIALIS HOMOLOG (ATC)* (Goretti et al., 2020; Jin et al., 2021). Данные гены можно разделить на 3 группы: ген *MFT* – участник в процессе прорастания семян; группа *FT*-подобных генов (*FT* и *TSF*) – активаторов цветения; группа *TFL1*-подобных генов (*TFL1*, *ATC*, *BFT*) – ингибиторов цветения (Jin et al., 2021).

Функция гена *ATC* арабидопсиса до конца не установлена. Предположительно, ген *ATC* способен функционально заменять *TFL1* при нарушениях в его структуре (Huang et al., 2012). Экспрессия гена *BFT*, вероятно, стимулируется только в стрессовых условиях, вызванных абиотическими факторами (Yoo et al., 2010; Chung et al., 2010; Ryu et al., 2011, 2014).

Лучше всего охарактеризована функция гена *TFL1*. Накопление транскриптов отмечено в нижней части центральной зоны апикальной меристемы главного и боковых побегов, но не во флоральных меристемах. При сверхэкспрессии *TFL1* у растений наблюдаются продолжительная вегетативная стадия развития и более поздний переход к цветению с образованием сильно разветвленных соцветий. По сравнению с растениями дикого типа, у мутантов *tfl1* раньше отмечается переход к цветению, при этом происходит формирование небольшого соцветия с несколькими цветками. С функционированием апикальной меристемы непосредственно связана архитектура растения. В случае продолжительного вегетативного роста, при сохранении пролиферативной активности апикальной меристемы, растение отличается длинным стеблем с индетерминантным (незаконченным) типом роста. В то время как у сортов с детерминантным (законченным) типом роста стебля формируется терминальное соцветие и тем самым блокируется рост стебля в длину. Гомологи гена *TFL1* идентифицированы у различных представителей покрытосеменных растений (Krylova, 2020). У вигны ортолог гена *TFL1* был впервые детектирован в 2015 г. (Dhanasekar, Reddy, 2015). У образцов с детерминантным типом роста идентифицирована несинонимичная однонуклеотидная замена в четвертом экзоне, приводящая к замене аминокислоты (Pro136His). Кроме этого, найдены однонуклеотидные замены в ин-

тронах. В геноме вигны и ряда представителей трибы Фасолиевые идентифицировали высокоомологичную копию гена *TFL1*, которая, вероятно, является результатом дупликации (Krylova et al., 2021). Также в геномах данных таксонов детектированы гены *ATC* и *BFT*, функции которых изучены недостаточно. Секвенирование аллелей *TFL1*-подобных генов у образцов вигны из коллекции ВИР ранее не проводилось. В связи с этим *цель данной работы* – выявление аллельных различий *TFL1*-подобных генов у образцов *V. unguiculata* с разными типами роста стебля.

Материалы и методы

Материалом для исследования послужили шесть образцов вигны с разными типами роста стебля из коллекции ВИР (табл. 1). Результаты изучения изменчивости морфологических и фенологических признаков образцов в разных эколого-географических условиях представлены в публикации Е. А. Крыловой с соавторами (Krylova et al., 2024). При повышенной влажности воздуха и большом количестве осадков у некоторых образцов отмечалось значительное увеличение длины стебля, менялись архитектура растения и даже тип роста.

Из листьев проростков выделяли тотальную геномную ДНК с помощью набора «Сорб-ГМО-Б» («Синтол», Москва) с модификациями. Оценка качества выделенной ДНК проводили с помощью электрофоретического анализа в 1-процентном агарозном геле, измерение концентрации – с использованием спектрофотометра NanoDrop™ 2000/2000c (Thermo Fisher Scientific Inc.). На основании ранее идентифицированных последовательностей *TFL1*-подобных генов вигны сконструированы и проанализированы праймеры с использованием онлайн-ресурса Integrated DNA Technologies – PrimerQuest™ Tool (<https://eu.idtdna.com/primerquest/home>). Последовательности использованных в работе праймеров приведены в таблице 2. Амплификацию геномной ДНК проводили в 20 мкл реакционной смеси, содержащей 50–100 нг ДНК-матрицы, по 0,5 мкМ прямого и обратного праймера, 1 ед. Taq-полимеразы («Синтол»), 1х реакционный буфер (67 мМ трисHCl, pH 8,8; 2 мМ MgCl₂; 18 мМ (NH₄)₂SO₄; 0,01% Tween 20), 1,5 мМ MgCl₂, 0,25 мМ dNTP's. Программа амплификации состояла из первоначальной денатурации при 95°C в течение 2 минут, а затем 35 циклов при 95°C в течение 30 секунд, 50–62°C в течение 30 секунд и 72°C в течение 1–2 минут; последующая финальная элонгация – при 72°C в течение 5 минут. Для каждой пары праймеров подбирались оптимальная температура отжига с учетом нуклеотидного состава. Электрофоретический анализ геномной ДНК, а также разделение продуктов амплификации выполняли в 1–3-процентных агарозных гелях, приготовленных на основе буфера TAE (40 мМ Трис-HCl, pH 8,0; 20 мМ ацетат натрия; 1 мМ ЭДТА). В качестве интеркалирующего красителя использовали бромистый этидий в конечной концентрации 0,01 мкг/мл. Для визуализации полученных результатов использовали гель-документирующую систему BioRad ChemiDoc MP, в качестве маркеров молекулярного веса – маркеры Step 100, Step 250, Sky-High 250 b – 10 kb («Биолабмикс», Новосибирск). Выделение амплифицированных фрагментов из 1-процентного агарозного геля проводили с использованием набора реагентов diaGene («Диаэм», Москва) согласно инструкции производителя. Секвенирование ДНК выполняли с помощью набора для секвенирования BigDye™ Terminator v3.1 Cy-

Таблица 1. Используемые в работе образцы вигны**Table 1. Cowpe accessions used in the study**

Номер по каталогу ВИР / VIR catalogue No.	Название образца / Name of the accession	Происхождение / Origin	Подвид / Subspecies	Тип роста стебля / Type of stem growth habit
6	'Clay'	США	<i>unguiculata</i>	индетерминантный
639		Китай	<i>sesquipedalis</i>	индетерминантный*
640		Китай	<i>sesquipedalis</i>	индетерминантный*
642		Китай	<i>sesquipedalis</i>	индетерминантный*
2056	'Лянчихе'	Россия, Примор- ский край	<i>sesquipedalis</i>	детерминантный
1783		Германия	<i>cylindrica</i>	индетерминантный**

Примечание: * – в условиях Астраханской опытной станции растения кустовые с вьющейся верхушкой, в условиях Дальневосточной опытной станции – лианы; ** – в условиях Астраханской опытной станции растения кустовые, в условиях Дальневосточной опытной станции – кустовые с вьющейся верхушкой (Krylova et al., 2024)

Note: * – bushes with a curly top under the conditions of Astrakhan Experiment Station, and lianas under the conditions of the Far East Experiment Station; ** – bushy plants under the conditions of Astrakhan Experiment Station, and bushy plants with a curly top under the conditions of the Far East Experiment Station (Krylova et al., 2024)

Таблица 2. Используемые в исследовании праймеры**Table 2. Primers used in the study**

Ген / Gene	Прямой праймер (5'→3') / Forward primer (5'→3')	Обратный праймер (5'→3') / Reverse primer (5'→3')
<i>VuTFL1.1</i> (<i>Vigun01g173000</i>)	CACTTGGTTTCTGAGCAGGAC	TCACCACCCTCAATCTCAAC
	GGTTGAGATTGAGGGTGGTG	CATCTGTTGTGCCTGGAATG
	CATTCCAGGCACAACAGATG	AGAGCAAGCAGGAGCAGAAG
	ATGGCAAGAATGCCTTTAGAACC	CTAGCGTCTTCTTGAGCTGTTT
	AGGACCCACAACAGGATTAC	CTCTCTCACTCACACTCTTTC
	TGCGGTGTAGACAAGAAAGAG	TTGGGTGCGACTAGGATGTTTG
	ACCCACAAACAGGATTACAC	TGATTGGCTCTACACAGATG
<i>VuTFL1.2</i> (<i>Vigun07g059700</i>)	TTCTTCTGTTTCCTCCTCACC	TCAAATCTCCTCCACCAATCTC
	AGATTGGTGGAGGAGATTTGAG	ACCAGTGCAGATGTTCTCTCAG
	TCTGAGAGAACATCTGCACTGG	CATTTGTTGTGCCTGGTATGTC
	CAGACATACCAGGCACAAC	GTCTTCTAGCAGCAGTTTCC
	TTCTTCTGTTTCCTCCTCACC	ATTTCTGCGAGCTATTTCAAGC
	TAGGTTAGAGTAGCGGAGAAGAG	AAGGTGAAGGAGGAAACAGAAG
	CCAAACACCGAATCTTCAAGC	CCGCTACTCTAACCTACAGAAATG
<i>VuATC</i> (<i>Vigun05g236900</i>)	TCTTGTGATTGGGAGGGTGA	TGCCCCACAAACCCTTAGAA
	ACCGTCTCCTACAACAATAAGC	GTGTAAGTGTTCCCTGAGATATGG
	TGCTCAGCAGAAGACAACAC	TCATAGTGGGAAGCCAGAAATC
	GTTGAAGTCATGTCAAGGTAAC	GAAGTCATAGTGGGAAGCC
<i>VuBFT</i> (<i>Vigun04g159500</i>)	TCCCTTCATAAACCTTTTGGC	CCCTAAGAAAACCAGAGAAACA
	GGAAGAGTGATAGGAGAAGTGG	CTAGGACTTGGAGCATCTGG
	GAGTTAGTACGAACGGTCTCTC	TTTCACACAAGGTGCTCAATTAC
	TCGGGACAAATAGCACAAATTC	AGAGAGATTCCATACACGCTTATC

cle Sequencing Kit согласно протоколу производителя (Thermo Fisher Scientific Inc.). Секвенирование осуществляли на генетическом анализаторе 3500 Genetic Analyzer Series Applied Biosystems™. Анализ полученных секвенограмм проводили с использованием программного обеспечения Unipro UGENE v39.0 (Okonechnikov et al., 2012). В качестве референсного генома выступала последовательность *Vigna unguiculata* v1.2 с сервера Phytozome 13 (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov>; Goodstein et al., 2012). Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с помощью программы MULTALIN v5.4.1 (<http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin>; Corpet, 1988).

Результаты и обсуждение

Ранее в геноме *V. unguiculata* с помощью поиска по гомологии мы идентифицировали четыре последовательности *TFL1*-подобных генов (Krylova et al., 2021). Две из них высокогомологичны гену *TFL1* арабидопсиса и обозначены нами как *TFL1.1* (*Vigun01g173000*) и *TFL1.2* (*Vigun07g059700*). Гены расположены в разных хромосомах. Кроме этого, в геноме вигны мы идентифицировали по одной последовательности генов *ATC* (*Vigun05g236900*) и *BFT* (*Vigun04g159500*). По результатам анализа структурной организации, а также аннотации функциональных доменов и предсказания трехмерных структур белков высказано предположение о том, что все идентифицированные белки могут выполнять функции блокаторов перехода растений вигны к цветению (Krylova et al., 2021).

В рамках данной работы выполнено секвенирование по Сэнгеру аллелей всех детектированных *TFL1*-подобных генов, а также промоторной зоны (примерно 500 пн от старт-кодона) у 6 анализируемых образцов вигны.

По сравнению с референсной последовательностью гена *Vigun01g173000* из базы данных Phytozome, обнаружены различные перестройки в интронах *TFL1.1* (Electronic Supplementary Materials, Suppl. 1)¹. У всех образцов, за исключением к-1783, детектирована инсерция трех нуклеотидов (GTT) в 5'-нетранслируемой области гена. Вставка тимина во втором интроне (в положении 609 от старт-кодона у группы образцов к-639, к-640, к-642 и к-2056 и в положении 607 от старт-кодона у к-6) была характерна также для большинства изученных образцов, кроме к-1783. У всех образцов обнаружена инсерция цитозина (в положении 973 от старт-кодона, в положении 972 от старт-кодона у к-1783) в третьем интроне. Только у образца к-6 найдены две инсерции во втором интроне (в положении 773 и 883 от старт-кодона), а также делеция двух нуклеотидов в первом интроне в положении 334 от старт-кодона. Различия по сравнению с референсной последовательностью (однонуклеотидная замена А/Т) в промоторной области гена выявлены только у образцов, относящихся к подвиду *sesquipedalis* (L.) Verdc. (к-639, к-640, к-642 и к-2056).

При анализе полученных секвенограмм последовательностей генов *TFL1.2* у образца к-1783 детектировали двунауклеотидную делецию (в положении 667 от старт-кодона) во втором интроне (Electronic Supplementary Materials, Suppl. 2)². Кроме этого, у образца к-642 обнаруже-

на замена А/Г в промоторной области. Других изменений нуклеотидной последовательности относительно референса обнаружено не было.

При выравнивании относительно референса полученных секвенограмм гена *VuATC* у всех образцов, за исключением к-6, идентифицировали три однонуклеотидных замены в промоторной области гена (Electronic Supplementary Materials, Suppl. 3)³. При анализе последовательностей гена *VuBFT* у пяти образцов (кроме к-1783) в 3'-нетранслируемой области гена детектирована протяженная делеция девяти нуклеотидов (Electronic Supplementary Materials, Suppl. 4)⁴. Кроме этого, у большинства образцов (кроме к-1783) во втором интроне идентифицировали вставку тимина в позиции 453 от старт-кодона, а также однонуклеотидную замену Г/А в 459 позиции от сайта начала транскрипции.

Все последовательности генов шести экспериментальных образцов депонированы в международную базу NCBI под следующими номерами: PQ296068 (*VuTFL1.1*, к-6), PQ358534 (*VuTFL1.1*, к-639), PQ296065 (*VuTFL1.1*, к-640), PQ296064 (*VuTFL1.1*, к-642), PQ296067 (*VuTFL1.1*, к-1783), PQ296066 (*VuTFL1.1*, к-2056), PQ296074 (*VuTFL1.2*, к-6), PQ296069 (*VuTFL1.2*, к-639), PQ296070 (*VuTFL1.2*, к-640), PQ296071 (*VuTFL1.2*, к-642), PQ296073 (*VuTFL1.2*, к-1783), PQ296072 (*VuTFL1.2*, к-2056), PQ296080 (*VuATC*, к-6), PQ296075 (*VuATC*, к-639), PQ296076 (*VuATC*, к-640), PQ296077 (*VuATC*, к-642), PQ296079 (*VuATC*, к-1783), PQ296078 (*VuATC*, к-2056), PQ450489-PQ450494 (*VuBFT*).

Заключение

По результатам секвенирования аллелей всех *TFL1*-подобных генов вигны у образцов с различным типом роста стебля, различий в кодирующей части генов по сравнению с референсными последовательностями идентифицировано не было. Уникальных перестроек, характерных только для сорта 'Лянчихе' (к-2056) с детерминантным типом роста стебля, а также специфичных только для группы образцов к-639, к-640, к-642 подвида *sesquipedalis* с индетерминантным типом роста стебля, не обнаружено. Наиболее точной проверкой роли изучаемых генов могло бы стать дальнейшее исследование в области обратной генетики, нацеленное на нокаут и изучение фенотипа нокаутных линий. Не исключено, что проявление на уровне фенотипа детерминантности у сорта 'Лянчихе' связано с другой группой генов, отличных от *TFL1*-подобных генов. В связи с этим необходим дальнейший поиск других генов, контролирующих тип роста стебля. Идентификация и анализ генов, отвечающих за формирование флоральной меристемы на верхушке побега и детерминантный характер роста растения, необходимы для более эффективного и быстрого создания современных сортов, пригодных к механизированному возделыванию.

версия статьи: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149> / Electronic Supplementary Materials, Suppl. 2. The online version of this article: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149>

³ Приложение 3 представлено в онлайн-формате. Электронная версия статьи: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149> / Electronic Supplementary Materials, Suppl. 3. The online version of this article: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149>

⁴ Приложение 4 представлено в онлайн-формате. Электронная версия статьи: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149> / Electronic Supplementary Materials, Suppl. 4. The online version of this article: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149>

¹ Приложение 1 представлено в онлайн-формате. Электронная версия статьи: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149> / Electronic Supplementary Materials, Suppl. 1. The online version of this article: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-4-143-149>

² Приложение 2 представлено в онлайн-формате. Электронная

References / Литература

- Benlloch R., Berbel A., Serrano-Mislata A., Madueño F. Floral initiation and inflorescence architecture: a comparative view. *Annals of Botany*. 2007;100(3):659-676. DOI: 10.1093/aob/mcm146
- Dhanasekar P., Reddy K.S. A novel mutation in *TFL1* homolog affecting determinacy in cowpea (*Vigna unguiculata*). *Molecular Genetics and Genomics*. 2015;290(1):55-65. DOI: 10.1007/s00438-014-0899-0
- Chung K.S., Yoo S.Y., Yoo S.Y., Lee J.S., Ahn J.H. *BROTHER OF FT AND TFL1 (BFT)*, a member of the *FT/TFL1* family, shows distinct pattern of expression during the vegetative growth of *Arabidopsis*. *Plant Signaling and Behavior*. 2010;5(9):1102-1104. DOI: 10.4161/psb.5.9.12415
- Corpet F. Multiple sequence alignment with hierarchical clustering. *Nucleic Acids Research*. 1988;16(22):10881-10890. DOI: 10.1093/nar/16.22.10881
- Goodstein D.M., Shu S., Howson R., Neupane R., Hayes R.D., Fazo J. et al. Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Research*. 2012;40(D1):D1178-D1186. DOI: 10.1093/nar/gkr944
- Goretti D., Silvestre M., Collani S., Langenecker T., Méndez C., Madueño F. et al. TERMINAL FLOWER1 functions as a mobile transcriptional cofactor in the shoot apical meristem. *Plant Physiology*. 2020;182(4):2081-2095. DOI: 10.1104/pp.19.00867
- Huang N.C., Jane W.N., Chen J., Yu T.S. *Arabidopsis thaliana* *CENTRORADIALIS* homologue (*ATC*) acts systemically to inhibit floral initiation in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*. 2012;72(2):175-184. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2012.05076.x
- Integrated DNA Technologies. PrimerQuest Tool: [website]. Available from: <https://eu.idtdna.com/primerquest/home> [accessed Sept. 02, 2023].
- Jin S., Nasim Z., Susila H., Ahn J.H. Evolution and functional diversification of *FLOWERING LOCUS T/TERMINAL FLOWER 1* family genes in plants. *Seminars in Cell and Developmental Biology*. 2021;109:20-30. DOI: 10.1016/j.semcdb.2020.05.007
- Krylova E., Strygina K., Khlestkina E. Structural organization of *TFL1*-like genes in representatives of the tribe Phaseoleae DC. *Biological Communications*. 2021;66(2):85-108. DOI: 10.21638/spbu03.2021.201
- Krylova E.A. The role of *TFL1* orthologs in determining of plant architectonics. *Russian Journal of Genetics*. 2020;56(11):1308-1322. DOI: 10.1134/S1022795420110058
- Krylova E.A., Chunikhina O.A., Boyko A.P., Miroshnichenko E.V., Khlestkina E.K., Burlyaeva M.O. Variability of morphological and phenological traits in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. accessions contrasting by growth type in different ecological and geographical conditions. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):16-30. [in Russian] (Крылова Е.А., Чунихина О.А., Бойко А.П., Мирошниченко Е.В., Хлесткина Е.К., Бурляева М.О. Изменчивость морфологических и фенологических признаков среди контрастных по типу роста образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp. в разных эколого-географических условиях. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):16-30). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-07
- Moraes T.S., Dornelas M.C., Martinelli A.P. *FT/TFL1*: calibrating plant architecture. *Frontiers in Plant Science*. 2019;10:97. DOI: 10.3389/fpls.2019.00097
- MultAlin. Multiple sequence alignment with hierarchical clustering: [website]. Available from: <http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin> [accessed Oct. 19, 2023].
- Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M.; the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012;28(8):1166-1167. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091
- Périlleux C., Bouché F., Randoux M., Orman-Ligeza B. Turning meristems into fortresses. *Trends in Plant Science*. 2019;24(5):431-442. DOI: 10.1016/j.tplants.2019.02.004
- Phytozome 13. The Plant Genomics Resource: [website]. Available from: <https://phytozome-next.jgi.doe.gov> [accessed Oct. 19, 2023].
- Ryu J.Y., Lee H.J., Seo P.J., Jung J.H., Ahn J.H., Park C.M. The *Arabidopsis* floral repressor *BFT* delays flowering by competing with *FT* for FD binding under high salinity. *Molecular Plant*. 2014;7(2):377-387. DOI: 10.1093/mp/sst114
- Ryu J.Y., Park C.M., Seo P.J. The floral repressor *BROTHER OF FT AND TFL1 (BFT)* modulates flowering initiation under high salinity in *Arabidopsis*. *Molecules and Cells*. 2011;32(3):295-304. DOI: 10.1007/s10059-011-0112-9
- Weigel D., Nilsson O. A developmental switch sufficient for flower initiation in diverse plants. *Nature*. 1995;377(6549):495-500. DOI: 10.1038/377495a0
- Yoo S.J., Chung K.S., Jung S.H., Yoo S.Y., Lee J.S., Ahn J.H. *BROTHER OF FT AND TFL1 (BFT)* has *TFL1*-like activity and functions redundantly with *TFL1* in inflorescence meristem development in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*. 2010;63(2):241-253. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2010.04234.x

Информация об авторах

Екатерина Александровна Крылова, и. о. старшего научного сотрудника, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

Елена Константиновна Хлесткина, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, руководитель направления «Биология и биотехнология растений», Научно-технологический университет «Сириус», Центр генетики и наук о жизни, 354340 Россия, Краснодарский край, федеральная территория «Сириус», пгт. Сириус, Олимпийский пр., 1, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Information about the authors

Ekaterina A. Krylova, Acting Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

Elena K. Khlestkina, Dr. Sci. (Biology), Professor of the RAS, Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, Plant Biology and Biotechnology Research Manager, Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, 1 Olimpiyskiy Ave., Sirius Settle., Sirius Federal Territory, Krasnodar Territory 354340, Russia, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

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 04.10.2024; одобрена после рецензирования 14.10.2024; принята к публикации 15.10.2024.

The article was submitted on 04.10.2024; approved after reviewing on 14.10.2024; accepted for publication on 15.10.2024.