

- селекции нетрадиционных культур к функциональным продуктам питания // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2021. № 25(4). С.442–447. DOI 10.18699/VJ21.049.
- 5 Фотев Ю.В., Пивоваров В.Ф., Артемьева А.М., Куликов И.М., Гончарова Ю.К., Сысо А.И., Гончаров Н.П. Концепция создания Российской национальной системы функциональных продуктов питания // Вавиловский журнал генетики и селекции, 2018. Т.22, № 7. С.776–783. DOI 10.18699/VJ18.421.

DOI 10.18699/GPB2024-96

## **Перспективы использования методов протеомики и метаболомики в селекции растений**

Фролов А.А.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Лаборатория Аналитической Биохимии и Биотехнологии, Москва, Россия

<sup>2</sup>Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия  
email: Andrej.Frolov@ipb-halle.de

*Благодаря развитию физико-химических методов анализа был совершен решающий прорыв в повышении эффективности селекционного процесса, выразившийся в формировании ряда высокоэффективных методологических платформ пост-геномных исследований – транскриптомики, протеомики и метаболомики. На сегодняшний день эти подходы позволяют практически полностью охарактеризовать метаболические и регуляторные сдвиги, сопровождающие изменения генома в процессе получения новых сортов растений. В настоящее время начинается освоение этого инструментария селекционерами.*

*Ключевые слова: селекция, протеомика, метаболомика.*

## **Prospects for using proteomics and metabolomics methods in plant breeding**

Frolov A.A.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>K.A. Timiryazev Institute of Plant Physiology RAS, Moscow, Russia

<sup>2</sup>Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia  
email: Andrej.Frolov@ipb-halle.de

*Thanks to the development of physicochemical methods of analysis, a decisive breakthrough was made in increasing the efficiency of the breeding process, expressed in the formation of a number of highly effective methodological platforms for post-genomic research – transcriptomics, proteomics and metabolomics. Today, these approaches make it possible to almost completely characterize the metabolic and regulatory changes that accompany genome changes in the process of obtaining new plant varieties. Currently, breeders are beginning to master this toolkit.*

*Key words: plant breeding, proteomics, metabolomics.*

Поскольку в ходе получения новых сортов растений, обладающих хозяйственно ценными фенотипическими проявлениями, имеет место изменение генетического материала, представляется важным понимать характер биохимических сдвигов, сопровождающих эти изменения. Действительно, выявление функциональной роли изменений в метаболических и регуляторных путях растений, сопровождающих селекционный процесс, позволяет значительно увеличить его эффективность. Так, опираясь на физиологическую и биохимическую информацию, с одной стороны, возможно более быстрое достижение желаемых хозяйственных свойств. С другой – эта информация позволяет достичь максимальной физиологичности и безопасности создаваемых продуктов. Первым шагом на этом пути является глубокий всесторонний биохимический анализ, в течение последнего века ставший надежным инструментом в руках селекционеров. К сожалению, не смотря на существенный потенциал этого подхода, он не позволяет получить полный (или в значительной степени полный) «отпечаток» всех метаболических и регуляторных путей организма, что являлось непреодолимой проблемой еще в конце XX века. Однако благодаря стремительному развитию физико-химических методов анализа (в первую очередь, хроматографии и масс-спектрометрии) в течение последних трех десятков лет в этом направлении был совершен решающий прорыв, выразившийся в формировании ряда высокоэффективных методологических платформ пост-геномных исследований – транскриптомики, протеомики и метаболомики. На сегодняшний день эти подходы позволяют практически полностью охарактеризовать метаболические и регуляторные сдвиги, сопровождающие изменения генома. В настоящее время начинается освоение этого инструментария селекционерами. На практике, полученная информация органично дополняет знания о фенотипе, то есть пост-геномные платформы можно рассматривать как инструмент хемотипирования. Представляется перспективным рассматривать результаты хемотипирования в контексте качества получаемой сельскохозяйственной продукции. При этом, под ее качеством необходимо понимать не только ее питательные свойства, но и весь спектр нутрицевтических параметров и биологических свойств, а также физиологическое качество семян. Важно, что в контексте прогрессирующих изменений климата и нарастающих угроз продовольственной безопасности одним из ключевых критериев успешности создаваемых новых сортов должно являться сохранение качества продукции при выращивании в условиях засухи и при длительном хранении. Для выявления соответствующих признаков, в рамках предселекционных работ важное значение имеют исследования коллекций культур, характеризующихся уникальным генетическим разнообразием.