

Интеграция геномики, спидбридинга и биоинформатики как инструмент решения селекционных задач

М.Г. Дивашук

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия
divashuk@gmail.com

Цель: Разработать комплексный интегрированный подход на основе современных высокопроизводительных технологий в области геномики, спидбридинга и биоинформатики с целью повышения эффективности и ускорения селекционного процесса.

Материалы и методы: В качестве методов использовались протоколы спидбридинга (ускоренного выращивания растений в установках искусственного климата), протоколы высокопроизводительного цифрового фенотипирования с использованием установки TraitFinder с платформой PlantEye Dual Scan, биоинформатический анализ данных полногеномного секвенирования (Illumina) и SNP-типирования, протоколы секвенирования отдельных генов, алгоритмы разработки на выявленные полиморфизмы молекулярных маркеров, в том числе маркеров нового поколения KASP, поиск ассоциаций между генетическими и фенотипическими полиморфизмами с помощью GWAS-анализа, дисперсионного и корреляционного анализов, протоколы геномного редактирования.

Результаты: Интеграция современных технологий – спидбридинг, полногеномное секвенирование, ИИ и геномное редактирование – может открыть пути преодоления барьеров между селекцией и достижениями научного прогресса. Создаваемые в исследовательской программе технологии позволяют создавать рекомбинантные панели, ускоряя поиск генов-мишеней, актуальных для конкретных агроэкологических условий. Они служат одновременно материалом для разработки инструментов маркер-опосредованного отбора и источником генетически разнообразного материала, а также референсными системами для валидации генов в разных экзонах. Синтез технологий спидбридинга с ИИ-климатическими моделями имитирует прогнозируемые стрессы, выявляя гены устойчивости к стрессовым факторам. В результате тесного сотрудничества между специалистами в области генетики, селекции, биоинформатики и феномики были созданы генетически охарактеризованные рекомбинантные панели яровой мягкой и твердой пшеницы и тритикале, прошедшие агроэкологические испытания в условиях Московской области и Краснодарского края. Созданные панели позволили выявить новые гены-мишени хозяйственно ценных признаков и оценить их фенотипическое проявления во взаимодействии с известными генами-модификаторами. Исследованы взаимодействия генов азотного метаболизма *TaGRF3-2A* и *ScGrf3-2R* у яровой тритикале во взаимодействии с генами *Rht-1* и *Ddw1*, генов азотного метаболизма *TaBT2-3A*, *TaAMT-2B* и *TaGS2-2A* во взаимодействии с генами *Rht17* и *Ppd-D1* у яровой мягкой пшеницы, гена биосинтеза цистеина *sat2* у яровой твердой пшеницы. Благодаря внедрению подходов клинической медицины, предполагающих длительную консервацию выделенной ДНК изучаемых панелей, открывается возможность изучения фенотипического проявления новых генов с использованием архивных цифровых и биологических данных. В тесном сотрудничестве с промышленными партнерами с помощью маркер-опосредованной селекции и созданной базы данных однонуклеотидных полиморфизмов для оценки генетического разнообразия был создан сорт озимой мягкой пшеницы ВНИИСБ 50. Новый сорт характеризуется устойчивостью к полеганию и бурой листовой ржавчине, высокой урожайностью и качеством зерна на уровне ценной по качеству пшеницы. Также при непосредственном участии со стороны промышленных партнеров был создан новый сорт сои Лада СД, который по сравнению со стандартом дает три дополнительных 3 центнера с гектара и 3% сырого протеина, а также характеризуется более высоким соотношением белка к жиру в соевых бобах. Оба сорта в 2024 году успешно прошли испытания в Орловской области в условиях, приближенных к производственным, и показали высокую урожайность. Разработана и апробирована на основных сельскохозяйственных культурах биоинформатическая интерактивная панель анализа данных цифрового фенотипирования StatFaRmer.

Выводы: Разработанная система интеграции технологий спидбридинга, цифрового и полевого фенотипирования, маркер-опосредованной и геномной селекции, геномного редактирования и биоинформатического анализа. Система позволяет создавать новый генетический материал стратегически важных сельскохозяйственных культур, в том числе использующийся для создания новых продуктивных и устойчивых сортов.