

2022

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
РЕСУРСЫ
РОССИИ

**СБОРНИК ТЕЗИСОВ
ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ
I НАУЧНОГО ФОРУМА
«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»**



<https://brc2022.vogis.org/>

Санкт-Петербург, 21-24 июня 2022 г.

УДК 635.65:631,523

ББК 28.04я43

С23

С23 СБОРНИК ТЕЗИСОВ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ I НАУЧНОГО ФОРУМА «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ». — Москва: Издательство Перо, 2022. — Мб. [Электронное издание].

ISBN 978-5-00204-385-9

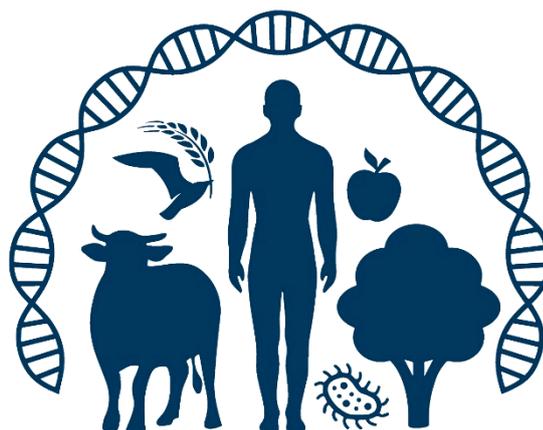
21-24 июня 2022 г. в Санкт-Петербурге под эгидой Вавиловского общества генетиков и селекционеров (ВОГиС) состоялся первый научный Форум «Генетические ресурсы России». Пленарные заседания Форума прошли 21 и 24 июня 2022 г. в большом зале Санкт-Петербургского научного центра РАН. Форум объединил девять конференций, призванных осветить современные направления работы с коллекциями генетических ресурсов и их применение в фундаментальной науке, медицине и сельском хозяйстве. В рамках Форума состоялось всестороннее обсуждение особенностей использования, пополнения, поддержания и развития биоресурсных коллекций микроорганизмов, растений и животных, а также работы с генетическими базами данных человека. Участники Форума ознакомились с разнообразием биоресурсных коллекций, современными методами и подходами к их изучению, а также возможностями биоресурсных коллекций для решения различных прикладных задач. Настоящий сборник содержит тезисы пленарных докладов первого научного Форума «Генетические ресурсы России».

УДК 635.65:631,523

ББК 28.04я43

ISBN 978-5-00204-385-9

© Авторы, 2022



2022

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
РЕСУРСЫ
РОССИИ

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ

I НАУЧНОГО ФОРУМА

«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»

Сопредседатели:

д.б.н. Антон Александрович Нижников, профессор РАН,
ученый секретарь ВОГиС

к.б.н. Алексей Алексеевич Заварзин, заместитель директора ВИР

Члены комитета:

д.б.н. Дмитрий Викторович Гельтман, директор БИН РАН

д.м.н. Сергей Иванович Куцев, чл.-корр. РАН, директор МГНЦ

д.б.н. Никита Севирович Чернецов, чл.-корр. РАН, директор ЗИН РАН

к.б.н. Кирилл Сергеевич Антонец, в.н.с. ФГБНУ ВНИИСХМ

к.б.н. Михаил Владимирович Белоусов, с.н.с. ФГБНУ ВНИИСХМ

к.б.н. Наталия Викторовна Дементьева, г.н.с. ВНИИГРЖ

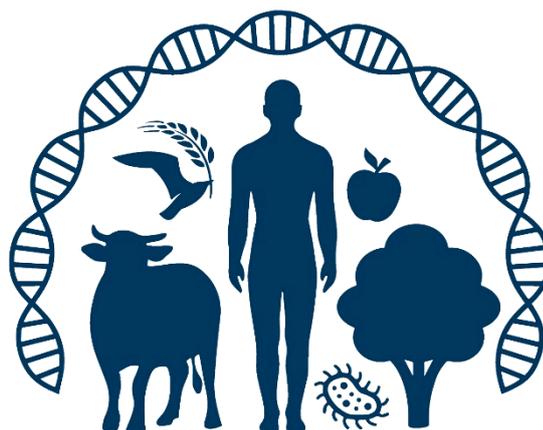
(филиал ФИЦ ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста)

к.б.н. Людмила Александровна Джапаридзе, СПбНЦ РАН

к.б.н. Анна Михайловна Кольцова, с.н.с., руководитель ЦКП, ИНЦ РАН

к.б.н. Юлия Алмазовна Насыхова, в.н.с. ФГБНУ «НИИ АГиР им. Д.О. Отта»

к.б.н. Михаил Георгиевич Хотин, зав. лаб. ИНЦ РАН



2022

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
РЕСУРСЫ
РОССИИ

ПРОГРАММНЫЙ КОМИТЕТ

I НАУЧНОГО ФОРУМА

«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»

Сопредседатели:

д.б.н. Игорь Анатольевич Тихонович, академик РАН,
декан биологического факультета СПбГУ, научный руководитель
ФГБНУ ВНИИСХМ, президент ВОГиС

д.б.н. Елена Константиновна Хлесткина, профессор РАН,
директор ВИР

Члены комитета:

д.б.н. Алексей Владимирович Абрамов, г.н.с. ЗИН РАН

д.м.н. Олеся Николаевна Беспалова, зам. директора ФГБНУ «НИИ
АГиР им. Д.О. Отта»

д.б.н. Андрей Сергеевич Готов, зав. отделом ФГБНУ «НИИ АГиР им.
Д.О. Отта»

д.б.н. Наталья Аркадьевна Михайлова, зам. директора ИНЦ РАН

д.б.н. Юрий Капитонович Новожилов, г.н.с., зав. лаб. БИН РАН

д.б.н. Николай Александрович Проворов, директор ФГБНУ ВНИИСХМ

д.б.н., Алексей Николаевич Томилин, чл.-корр. РАН, директор ИНЦ РАН

к.б.н. Михаил Юрьевич Скоблов, зав. лаб. МГНЦ

к.х.н. Вадим Камильевич Хлесткин, директор ВНИИГРЖ (филиал ФИЦ
ВИЖ им. акад. Л.К. Эрнста)

ЗОЛОТОЙ СПОНСОР



Диаэм – крупнейший поставщик современного лабораторного оборудования на российском рынке для биологических и медицинских лабораторий. Каталог **Диаэм** насчитывает более 1 млн наименований приборов, реагентов и расходных материалов. Наш более чем 30-летний опыт, знание специфики рынка, обширные деловые связи среди производителей и поставщиков лабораторного оборудования позволили в условиях новой реальности не только сохранить практически всю линейку поставляемых товаров, но и существенно расширить её.

У нас появились новые поставщики, мы выстроили новые логистические цепочки. Мы по-прежнему стабильно продолжаем обеспечивать российские лаборатории всем необходимым, сохранив широкий ассортимент товарных позиций.

Теперь мы предлагаем не только оригинальное оборудование и расходные материалы известных европейских производителей, но и их аналоги из России, Китая, Южной Кореи и других стран. Запас наиболее востребованных товарных позиций регулярно поддерживается на собственном складе. В портфолио **Диаэм** представлена продукция ведущих мировых производителей: Abcam, Binder, BiOptic, Bio-Rad, Corning, Eppendorf, Lexogen, Omixon, PNCbi (Panasonic), Sage Sciences, Sigma-Aldrich.

Сегодня хотелось бы обратить ваше внимание на оборудование и материалы для решения следующих задач:

- Прижизненная визуализация экспрессии генов (*in vivo* и *in vitro*) - система визуализации биолюминесценции и флуоресценции **Newton 7.0** (Vilber)
- Точная оценка копийности генов - система **QX200** для цифровой ПЦР в каплях (Bio-Rad), система **QuantStudio Absolute Q** (ThermoFS).
- Точная автоматизированная оценка ploидности - сортер клеток **S3e** (Bio-Rad), проточный цитометр **ZS-AE7S** (BioSino)
- Автоматизированное выделение нуклеиновых кислот - автоматическая станция выделения нуклеиновых кислот и раскапывания мастер-миксов **LifeBot** (Evotech-Mirai Genomics)
- Фрагментный анализ нуклеиновых кислот - Система капиллярного электрофореза **Qsep100** (BiOptic).
- Изотермическая амплификация ДНК - Портативный амплификатор **Lampix 8** (Aivok)

Также в наличии:

- Реагенты и наборы для капиллярного секвенирования
- Всё для ПЦР: реагенты, наборы, лабораторный пластик
- Наборы для секвенирования ДНК и РНК

БРОНЗОВЫЙ СПОНСОР



ООО «Компания Хеликон» — с 1997 года один из ведущих российских поставщиков продукции и услуг для лабораторий, работающих в сферах фундаментальных научных исследований, биоиндустрии, клинической диагностики, криминалистики, ветеринарии и пищевой безопасности.

Направления деятельности Компании:

- Продажи оборудования, реагентов и расходных материалов для молекулярно-биологических и клеточных исследований.
- Сервисная и методическая поддержка.

Компания Хеликон также имеет собственную производственную базу и выпускает продукцию под маркой «Helicon»: магнитные и лабораторные штативы, оборудование и комплектующие для электрофореза, системы гель-документирования, специализированную лабораторную мебель и др.

Наличие развитой логистической и складской сети позволяет доставлять заказы в кратчайшие сроки. Региональные представительства компании находятся в Санкт-Петербурге, Новосибирске, Казани, Ростове-на-Дону, Воронеже, Екатеринбурге и Владивостоке.

Контакты:

ООО «Компания Хеликон»

121374, Москва, Кутузовский проспект, д. 88

8 800 770 71 21 (звонки с любых телефонов РФ бесплатны)

+7 499 705 50 50 (в Москве)

E-mail: mail@helicon.ru

Web: www.helicon.ru

Telegram: <https://t.me/HeliconCompany>

VK: <https://vk.com/helicon.company>

СОДЕРЖАНИЕ

От Бюро по прикладной ботанике к Национальному центру генетических ресурсов растений 12

Хлесткина Е.К. 12

Генетические ресурсы микроорганизмов и растений — комплементарный набор 13

Тихонович И.А. 13

Развитие инфраструктуры в области микробных биоресурсов биотехнологического назначения 14

Синеокий С.П. 14

Геномный биопроспектинг в изучении биоресурсной коллекции КММ ТИБОХ ДВО РАН: первые успехи и перспективы 15

Исаева М.П. 15

Биоресурсные коллекции сельскохозяйственных животных: типы коллекций и области применения 16

Зиновьева Н.А. 16

Биологическое разнообразие и генетические ресурсы 17

Каменский П.А. 17

Будут вечно молодыми: гербарии – основа современного интегративного подхода для решения проблем филогенетики, таксономии и исследования генетических ресурсов растений и грибов 18

Гельтман Д.В., Новожилов Ю.К. 18

Что мы знаем о животных? Зоологические коллекции в геномную эпоху 19

Абрамсон Н.И. 19

Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур ВНИИГРЖ: сохранение, изучение и использование генофонда сельскохозяйственных птиц 20

Станишевская О.И. 20

Создание Российской коллекции типовых клеточных культур (RTCC) для обеспечения национальной технологической независимости и биобезопасности 21

Михайлова Н.А. 21

Разработка подходов к диагностике и лечению орфанных болезней с использованием коллекции биологических образцов пациентов с генетическими заболеваниями 22

Куцев С.И. 22

Биоресурсные коллекции и репродуктивное здоровье человека: возможности и перспективы 23

Глотов А.С. 23

Популяционная геномика человека и персонализированная медицина 25

Степанов В.А. 25

Создание, развитие и перспективы использования коллекции моделей заболеваний человека на основе линий индуцированных плюрипотентных стволовых клеток 26

Медведев С.П., Закиян С.М. 26

Научная коллекция и ее роль в формировании экологического сознания общества 27

Третьякова М.Н. 27

Центр генетических ресурсов лабораторных животных ИЦиГ СО РАН в биомедицинском импортозамещении 29

Мошкин М.П., Герлинская Л.А., Завьялов Е.Л. 29

Изучение разнообразия геномов бактерий как ключ к созданию полифункциональных микробиологических препаратов 30

Антонец К.С. 30

Микологические гербарии как ресурс для филогенетических, филогеографических и таксономических исследований грибов и грибообразных протистов 31

Волобуев С.В., Новожилов Ю.К., Морозова О.В. 31

Использование ризобий реликтовых растительно-микробных систем для повышения эффективности симбиоза у традиционных бобовых культур 32

Сафронова В., Сазанова А., Кузнецова И., Белимов А., Гуро П., Карлов Д., Юзихин О., Чирак Е., Афонин А., Андронов Е., Тихонович И. 32

Национальная сетевая коллекция генетических ресурсов растений в сфере генетических технологий 33

Лоскутов И.Г., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К. 33

Международный кодекс номенклатуры культурных растений: презентация русскоязычной версии и направления практического использования 35

Чухина И.Г. 35

Высокопроизводительное генотипирование коллекции зерновых и зернобобовых культур 36

Салина Е.А. 36

От Бюро по прикладной ботанике к Национальному центру генетических ресурсов растений

*Хлесткина Е.К. **

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

E-mail: *director@vir.nw.ru

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

Для обеспечения сохранения и развития коллекций в соответствии с мировыми стандартами, а также эффективного и рационального их использования в интересах СНГР и экономического развития России сегодня наблюдается тенденция к интеграции коллекций одинакового типа по сетевому принципу организации под эгидой создаваемых крупных биоресурсных центров (БРЦ). На базе ВИР имени Н.И.Вавилова, ведущего свою историю с 1894 года и являющегося держателем одной из крупнейших в мире коллекций генетических ресурсов культурных растений, в 2022 году Указом Президента Российской Федерации №44 «О Национальном центре генетических ресурсов растений» создается первый Национальный биоресурсный центр. В докладе сообщается, как на примере этого пилотного центра реализуется отработка механизма функционирования БРЦ по сетевому принципу, освещены основные задачи и функции центра.

Генетические ресурсы микроорганизмов и растений — комплементарный набор

Тихонович И.А.^{1,2}*

¹*ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Россия, Санкт-Петербург;*

²*Санкт-Петербургский государственный университет, Россия, Санкт-Петербург*

Е-mail: * arriam2008@yandex.ru

Взаимодействие микробов и растений в настоящий момент рассматривается как эффективный, но недостаточно изученный резерв повышения урожайности и минимизации экологического риска в современном земледелии. Генетической основой этого положения является функциональная интеграция генетических систем в симбиотических отношениях, складывающаяся между микробиомом и растением-хозяином. Закономерности формирования микробиома позволяют говорить о возможности конструирования надорганизменных систем (МРС) с заданными свойствами, обеспечивающих расширение адаптаций МРС в целом. Особенностью генетического контроля ряда признаков, таких как азотфиксация, доступность фосфора, устойчивость к абиотическим стрессорам и фитопатогенам является их возникновение только как результат взаимодействия генов хозяина и микросимбионта, а по отдельности у каждого из партнеров такие признаки часто не формируются. Отсюда ясно, что описание генетических ресурсов растений и, соответственно, микроорганизмов может быть полным только на фоне взаимодействия, без которого понимание функции «генов симбиоза», а, следовательно, и изучение генетического контроля ряда важнейших свойств не возможно. В докладе будут рассмотрены закономерности формирования симбиотических признаков, на основе генетических детерминант взаимодействия в коллекциях растений и микроорганизмов и дана оценка потенциального значения объединенных генетических систем про- и эукариот.

Развитие инфраструктуры в области микробных биоресурсов биотехнологического назначения

*Синеокий С.П.**

НИИ Курчатовский институт, Москва, Россия

E-mail: * sineoky@genetika.ru

Развитие любой инфраструктуры не является самоцелью, а определяется потребностями в обеспечении какой-либо сферы деятельности общества.

Основными задачами инфраструктуры в области микробных биоресурсов биотехнологического назначения (включая культуры клеток высших организмов) является обеспечение возможности воспроизведения значимых результатов исследований, связанных с изучением и использованием микроорганизмов, регулируемой доступности изученных микробных биоресурсов для использования в исследовательских и прикладных целях; проведение стандартизации штаммов микроорганизмов (в т.ч. генно-инженерно-модифицированных) для защиты прав интеллектуальной собственности и биобезопасности при их использовании в биотехнологии.

В мировой практике эти задачи успешно решаются путем создания крупных, обладающих высоким кадровым, научным, методическим, технологическим потенциалом национальных биоресурсных центров (НБЦ), которые стабильно выполняют закрепляемые на ними инфраструктурные функции, в т.ч. формирование т.н. коллекционного фонда для государственных нужд в соответствии с регламентирующими нормативными документами.

Среди функций НБЦ также обеспечение возможности сохранения и доступности ценных коллекционных фондов, формируемых в различных организациях, в т.ч. коллекционных фондов, находящихся под угрозой потери. В своей деятельности НБЦ активно взаимодействуют с профильными специализированными БРЦ, проводящими масштабные исследования микробных биоресурсов, в ходе которых формируются ценные коллекционные фонды.

НБЦ активно участвуют в развитии нормативной базы по обороту микробных биоресурсов, проведении аналитических и информационных работ, связанных с использованием микробных биоресурсов, подготовке научных кадров.

Важным шагом к созданию в России современных НБЦ стал проект концепции Минобрнауки России по созданию и развитию сети национальных биоресурсных центров на территории Российской Федерации.

Основными критериями работы инфраструктуры являются способность качественно, в полном объеме и экономически рационально выполнять инфраструктурные функции важные для развития биотехнологии.

Геномный биопроспектинг в изучении биоресурсной коллекции КММ ТИБОХ ДВО РАН: первые успехи и перспективы

*Исаева М.П.**

ФГБУН Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г.Б. Елякова ДВО РАН, Владивосток, Россия

E-mail: * issaeva@piboc.dvo.ru

Геномный биопроспектинг (от англ. bioprospecting – биоразведка) – новое научное направление, связанное применением геномных технологий, которые обеспечивают поиск коммерчески ценных генов и генных кластеров в различных геномах и геномных данных. ТИБОХ ДВО РАН – единственный в России институт, который проводит комплексные исследования в области морского биопроспектинга. Результатом такой работы является разработка лекарственных препаратов, биологически активных добавок и функциональных материалов на основе морских природных соединений. Институт располагает единственной в России биоресурсной коллекцией морских микроорганизмов (КММ ТИБОХ ДВО РАН), генофонд которой представлен более 4000 штаммами гетеротрофных бактерий и более 1000 штаммами микроскопических грибов (около 300 видов, 80 родов, 7 классов, 5 филумов, 2 домена; около 250 типовых штаммов). В 2021 году КММ ТИБОХ ДВО РАН получила поддержку МИНОБРНАУКИ РФ по теме «Развитие биоресурсной коллекции «Коллекция морских микроорганизмов ТИБОХ ДВО РАН» для реализации Федеральной программы в области генетических технологий» (грант 15.БРК.21.0004, соглашение № 075-15-2021-1052). В рамках проекта проводятся фундаментальные исследования в области сравнительной геномики, которые включают секвенирование геномов типовых и биотехнологически ценных штаммов с обязательным поиском генов полисахарид-деградирующих и протеолитических ферментов, а также генных кластеров биосинтеза различных метаболитов. В ходе первого этапа работ были разработаны и апробированы протоколы для проведения молекулярно-генетических исследований и секвенирования бактериальных геномов, а также для выполнения микробиомных и метагеномных исследований различных морских объектов. Проведено генотипирование 140 штаммов морских микроорганизмов, секвенировано 12 геномов бактерий, в том числе с высоким биотехнологическим потенциалом. Проведен поиск генов гликозилгидролаз, нуклеаз, протеаз. В докладе будет дано современное состояние и показаны дальнейшие перспективы применения геномных технологий в биопроспектинге коллекционных штаммов.

Биоресурсные коллекции сельскохозяйственных животных: типы коллекций и области применения

*Зиновьева Н.А.**

*ФИЦ ВИЖ им. акад. Л. К. Эрнста, Московская область, городской округ Подольск, поселок
Дубровицы, Россия*

E-mail: * n_zinovieva@mail.ru

Совершенствование методов получения, оценки и хранения биологического материала существенно расширило спектр использования биоресурсных коллекций (БРК) сельскохозяйственных животных, как для проведения фундаментальных и прикладных НИР, так и для решения практических задач животноводства. В докладе будет представлена информация о наиболее перспективных формах БРК животных, роли БРК в развитии генетических технологий в животноводстве. Особое внимание будет уделено технологиям получения возобновляемых типов биоматериалов и их роли в сохранении биоразнообразия сельскохозяйственных животных.

Биологическое разнообразие и генетические ресурсы

*Каменский П.А.**

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия

E-mail: * peter@protein.bio.msu.ru

Биологическое разнообразие и экосистемы служат единственным источником генетических ресурсов на нашей планете. Постоянно происходящие под влиянием антропогенных и неантропогенных факторов изменения экосистем приводят к потерям отдельных видов живых организмов, составляющих данные экосистемы, что является причиной невозможной утраты генетических ресурсов. При этом генетические ресурсы лежат в основе создания генетических технологий и, как следствие, развития ключевых отраслей промышленности (сельское хозяйство, биотехнологии, медицина). Они являются источником новых антибиотиков, ферментов для биотехнологической промышленности. Они также обеспечивают возможность создания технологий лечения социально значимых заболеваний и новых линий сельскохозяйственных растений и животных. В докладе будут подробно рассмотрены вопросы взаимосвязи биологического разнообразия и разработки генетических технологий, а также предложены меры по увеличению эффективности использования биологического разнообразия в практических отраслях.

Будут вечно молодыми: гербарии – основа современного интегративного подхода для решения проблем филогенетики, таксономии и исследования генетических ресурсов растений и грибов

Гельтман Д.В, Новожилов Ю.К.*

Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * geltman@binran.ru

Гербарные коллекции — старейший научный инструмент, известный с XV века. Первоначально они использовались в основном как иллюстрации для передачи знаний и преподавания, но уже с конца XVI в. превратились в особый, очень важный источник изучения разнообразия растений. Великий натуралист XVIII в. Карл Линней отмечал, что «гербарий превыше любого изображения и необходим любому ботанику». Именно гербарные образцы стали документальной основой грандиозных научных исследований разнообразия растений и грибов Земли, развернувшихся в XIX–XX вв.

Только гербарный образец однозначно документирует нахождение определенного вида растений и грибов в конкретной точке пространства в определенный момент времени. Именно поэтому гербарии необходимы для самых различных отраслей науки: систематики, флористики, географии растений. Возможность отделения небольших фрагментов гербарных образцов делают их незаменимыми в изучении морфологии и анатомии растений, а также в ряде прикладных областей вплоть до криминалистики. Уже на исходе XX в. стало ясно, что фонды гербариев могут использоваться в самых различных отношениях, о которых их коллекторы нередко не могли и предположить.

Открытие полимеразной цепной реакции, появление возможности выделения ДНК из гербарных образцов значительно увеличило значение гербариев как источника материала для изучения молекулярной филогении растений и грибов. Хорошо известно, что «молекулярная революция» существенно изменила прежние взгляды на взаимоотношения живых организмов, в том числе растений и грибов — вряд ли это могло бы произойти без использования гербарных коллекций. Ныне благодаря достижениям в области высокопроизводительных методов секвенирования нового поколения (NGS), гербарии становятся еще более ценными источниками обширного материала, который теперь доступен и для генетических исследований. Внедрение методов NGS создает новые возможности и перспективы использования гербарных образцов, включая старые и плохо сохранившиеся, поскольку большинство методов NGS фактически предназначены для использования в качестве шаблонов коротких фрагментированных молекул ДНК. В этой связи гербарии предстают как совершенно новый, пока еще реально не оцененный ресурс для генетических исследований и изучения биологического разнообразия, филогенетики и таксономии в самом широком понимании этих областей знания.

Что мы знаем о животных? Зоологические коллекции в геномную эпоху

*Абрамсон Н.И. **

ФГУН Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * Nataliya.Abramson@zin.ru

Зоологические коллекции – это прежде всего бесценные хранилища биологической информации, информации о прошлом и настоящем разнообразии животного мира. Они имеют огромное значение не только для исследований в области фундаментальных наук, но и для прикладных исследований в области медицины и климатологии. Вместе с быстрым развитием высокопроизводительного секвенирования, собранные за последние несколько веков экземпляры, включая и экземпляры давно вымерших видов и популяций, стали доступными для геномного анализа. Кроме традиционных зоологических коллекций в виде сухих шкур и скелетов птиц, млекопитающих, насекомых, раковин моллюсков и других беспозвоночных и образцов в спирту или формалине, в последние десятилетия зоологи систематически собирали и сохраняли собранные в полевых условиях ткани и другие артефакты с учетом будущих генетических исследований, создавая коллекции нового типа. Возникло целое направление – музейная геномика. В рамках этого направления особенно активно развиваются исследования в области экологии и эволюционной биологии, изучения вымерших организмов и влияния антропогенной деятельности на биоразнообразие. Мое сообщение посвящено роли традиционных зоологических коллекций и коллекций нового типа (коллекции тканей и ДНК) в развитии современной геномики и значению этих исследований для науки и общества. В сообщении будет рассмотрен и ряд проблем, связанных с использованием коллекций в генетических исследованиях и поддержанием инфраструктуры коллекции и пути их преодоления.

Генетическая коллекция редких и исчезающих пород кур ВНИИГРЖ: сохранение, изучение и использование генофонда сельскохозяйственных птиц

Станишевская О.И.*

ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «ФИЦ животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * olgastan@list.ru

Учитывая важность и неотложность сохранения генофонда местных пород птицы, решением сессии ВАСХНИЛ в 1976 г. были организованы коллекционные фермы, в том числе, Экспериментальное хозяйство ВНИИГРЖ (г. Санкт-Петербург – Пушкин). В настоящее время коллекция является подразделением ВНИИГРЖ (<https://vniigen.ru/ckp-geneticheskaya-kollekciya-redkix-i-ischezayushhix-porod-kur/>). Направления работы с коллекцией: сохранение 40 редких пород и популяций кур *in vivo* (в живом разведении) и *in vitro* (криобанк); разработка методов сохранения малочисленных (≤ 100 кур и 25 петухов) популяций (поддержание генетического разнообразия, контроль степени инбридинга, решение проблем избирательности оплодотворения на уровне гамет и полового поведения, инстинкта насиживания и пр.); решение проблемы повышения фертильности заморожено/оттаянного семени (разработка принципиально новых сред для замораживания семени с использованием комбинаций проникающих и непроникающих криопротекторов эндо- и экзоцеллюлярного действия; разработка новых режимов замораживания/оттаивания семени с учетом породных и индивидуальных биологических особенностей семени); разработка методов восстановления исчезнувших пород (на примере Павловской); использование коллекции для проведения фундаментальных молекулярно-генетических исследований (изучение геномной архитектуры пород, поиск геномных ассоциаций с хозяйственно-полезными признаками); создание новых селекционных форм на основе генофондных пород (мясного кросса с повышенной питательной ценностью яиц и мяса, для «органического производства», аутосексных пород, специализированной породы кур-производителей вакцинного сырья для производства вирусных эмбриональных вакцин для животных и человека).

Создание Российской коллекции типовых клеточных культур (RTCC) для обеспечения национальной технологической независимости и биобезопасности

*Михайлова Н.А**

ИНЦ РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * cellbio@incras.ru

В докладе обосновывается целесообразность и острая необходимость в создании национальной коллекции типовых культур клеток человека и животных (RTCC) на базе крупнейшей в РФ Коллекции культур клеток позвоночных ИНЦ РАН.

Российская коллекция типовых культур (RTCC) может быть организована на сетевом принципе работы специализированных коллекций общебиологического, биомедицинского и биотехнологического типов и объединения их фондов. Планируется внедрение и совершенствование стандартов получения, паспортизации, каталогизации, хранения и распространения образцов клеточных линий и культур.

RTCC сможет обеспечить эталонными клеточными образцами фундаментальные и прикладные исследования научных, образовательных, медицинских учреждений, биотехнологических компаний и иных предприятий реального сектора экономики. Создание национальной коллекции RTCC также позволит сократить зависимость российских ученых и разработчиков от закупки дорогостоящих клеточных линий в зарубежных коллекциях клеточных культур, таких как американской (ATCC) и европейской (ECACC).

Разработка подходов к диагностике и лечению орфанных болезней с использованием коллекции биологических образцов пациентов с генетическими заболеваниями

*Куцев С.И.**

МГНЦ, Москва, Россия

E-mail: * kutsev@mail.ru

Исследование геномного разнообразия человека в норме и патологии является масштабной задачей, имеющей без преувеличения огромное фундаментальное и прикладное значение. Решение этой задачи окажет определяющее влияние на медицину будущего. Персонализированный, предиктивный и превентивный подход к диагностике и лечению наследственных заболеваний возможен только в результате анализа геномных, транскриптомных, протеомных и феномных данных. В этой связи создание коллекции биологических образцов пациентов с наследственными заболеваниями является исключительно важным мероприятием для изучения этиологии и патогенеза наследственных заболеваний, разработки диагностических тест-систем и инновационных лекарственных препаратов.

Биоресурсные коллекции и репродуктивное здоровье человека: возможности и перспективы

*Глотов А.С.**

Научно-исследовательский институт акушерства гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * anglotov@mail.ru

Нарушения репродуктивной функции (невынашивание беременности, мужское/женское бесплодие), тяжелая акушерская патология (плацентарная недостаточность, задержка роста плода, преэклампсия, преждевременные роды и т. д.) оказывают существенное негативное влияние на демографическую стабильность общества. В связи с этим, создание, пополнение и развитие биоресурсных коллекций, связанных с заболеваниями репродуктивной системы человека, приобретают огромное фундаментальное и практическое значение.

Одним из наиболее перспективных направлений медицины в настоящее время, безусловно, является разработка и внедрение новых биомедицинских технологий в области репродукции человека, с привлечением ресурсов биобанков и биоресурсных коллекций, современных генетических технологий, в том числе, высокопроизводительного параллельного секвенирования, геномной терапии, геномного редактирования, а также с использованием технологий искусственного интеллекта.

В докладе будут рассмотрены ключевые аспекты персонализированной медицины (биобанкирование и геномная медицина), приведены примеры ключевых аспектов в организации биоресурсных коллекций человека, обобщен зарубежный опыт в консолидации данных биобанков и результатов геномных исследований. Особое внимание будет уделено проекту «Английские геномы» и востребованности его результатов в практической биомедицине при моделировании рисков развития заболеваний человека, первичной и вторичной профилактики наследственных болезней.

Высокая актуальность генетических исследований в репродукции человека и опыт Института в этих исследованиях послужили основой для создания Биобанка и УНУ «Репродуктивное здоровье человека». Данная коллекция является сетевой и в ее пополнении задействованы подразделения организаций партнеров – МГНЦ и СурГУ. Коллекция на базе НИИ АГиР им.Д.О.Отта сегодня содержит более 60 тыс. образцов, среди которых образцы крови (плазмы, сыворотки, крови), мочи, плацентарной ткани, культур клеток, ДНК, РНК и других материалов человека. Коллекция создана на базе предыдущих коллекций Отдела геномной медицины. При развитии биоресурсной коллекции особое внимание уделяется менеджменту качества биообразцов, созданию баз данных результатов генетических исследований, поиску биомаркеров болезней человека, моделированию риска заболеваний, алгоритмам биоинформатического анализа генома. Отдельным направлением исследования с использованием образцов коллекции является анализ генетических причин заболеваний в конкретной семье с отягощенным анамнезом. Сегодня нами разработан уникальный алгоритм генетического обследования пациента с нарушением репродуктивной функции.

Пополнение коллекции образцов с учетом данного алгоритма позволит существенно расширить сферу применения образцов и данных, необходимых не только для поиска новых диагностических подходов, мишеней и средств терапии и прогностических маркеров наследственных заболеваний; но и для развития средств генетического мониторинга распространённости нозологий в отдельных регионах, корреляция его с демографическими данными, оценки эффективности внедрённых диагностических, лечебных и профилактических мер, расчёта заболеваемости. Отдельное значение коллекция будет иметь для поиска новых ассоциаций генотип-фенотип, при создании новых баз данных, в контроле качества и в судебно-медицинской экспертизе.

Таким образом, БРК «Репродуктивное здоровье человека» обеспечит выполнение высококачественных исследований в фундаментальной и прикладной биомедицинской науке. Биобанк образцов от пациентов с многофакторными и моногенными наследственными болезнями, значимыми для репродукции, позволит выполнить исследования с целью изучения этиопатогенеза осложнений беременности или женского/мужского бесплодия, а также поиска эффективных биомаркеров патологии репродуктивной функции, что представляется перспективным для своевременного выявления групп пациентов с высоким риском развития заболеваний.

Популяционная геномика человека и персонализированная медицина

*Степанов В.А. **

Томский НИМЦ, Томск, Россия

E-mail: * vadim.stepanov@medgenetics.ru

В докладе раскрывается роль полногеномного исследования генетического разнообразия популяций человека для медицинской генетики и персонализированной медицины. Описываются закономерности организации генофондов, современные концепции эволюционной медицины и приводятся результаты поиска генетической компоненты болезней человека в рамках эволюционно-генетических подходов.

Создание, развитие и перспективы использования коллекции моделей заболеваний человека на основе линий индуцированных плюрипотентных стволовых клеток

*Медведев С.П., Закиян С.М.**

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

E-mail: * zakian@bionet.nsc.ru

Поиск новых, более эффективных и специфичных, методов диагностики и терапии заболеваний человека относится к главным задачам современной биомедицины. В частности, огромной проблемой является ранняя диагностика и терапия наследственных нейродегенеративных и сердечно-сосудистых заболеваний. Для разработки новых диагностических критериев и доклинического тестирования новых методов терапии необходимо создание адекватных модельных систем. Это особенно актуально, когда непосредственное исследование пациентов, клеток, тканей и жидкостей их организма затруднено. В докладе будет представлен опыт создания и исследования моделей болезней человека на основе индуцированных плюрипотентных клеток (ИПСК) в лаборатории эпигенетики развития ИЦиГ СО РАН. На данный момент в Европейском реестре линий плюрипотентных стволовых клеток человека (hPSCreg) сотрудниками лаборатории зарегистрировано около пятидесяти линий ИПСК пациентов, страдающих наследственными формами нейродегенеративных, сердечно-сосудистых и других болезней человека, а также здоровых доноров. Восемь из данных линий генетически модифицированные. Исходя из данного опыта, будут рассмотрены проблемы создания коллекции линий пациент-специфичных ИПСК и перспективы их использования в биомедицинских исследованиях. Будут освещены принципы и стандарты характеристики новых линий ИПСК, принятые международным научным сообществом. Кроме того, будут обсуждены примеры использования инструментов направленного редактирования геномов, например, такого как CRISPR/Cas9, для создания и изучения изогенных и трансгенных моделей на основе ИПСК человека. Будут показаны не только перспективы, но и проблемы, связанные с направленным редактированием геномов плюрипотентных клеток человека.

Исследование было поддержано Министерством науки и высшего образования Российской Федерации, Соглашение № 075-15-2021-1063 от 28.09.2021.

Научная коллекция и ее роль в формировании экологического сознания общества

*Третьякова М.Н.**

ФГУН Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * milena.tretiakova@zin.ru

Сегодня коллекции 15 крупнейших в мире музеев естественной истории в совокупности содержат почти 570 миллионов экземпляров. Это самая большая категория коллекций в музейной индустрии. Основанные как «кабинеты редкостей» или отдельные коллекции в XVIII – начале XX вв., эти музеи являются «музейными отделами» крупнейших национальных исследовательских центров и научных институтов. Многие из того, что сегодня общество знает о мире природы, прямо или косвенно иллюстрируется образцами, хранящимися в коллекциях естественнонаучных музеев, часть которых в живой природе уже не существует.

Сегодня наша миссия состоит в том, чтобы заставить общество осознать, насколько важно сохранить биологическое разнообразие и каковы риски, связанные с его потерями в недалеком будущем. «Естественная история – это ключ к будущему Земли» – так озаглавил обращение к публике, в котором описана миссия музея, Национальный музей естественной истории Смитсоновского института (США).

Музеи естественной истории и зоопарки – среди самых посещаемых просветительских учреждений. Их простота обманчива: они привлекают сходством выразительных экспонатов с говорящими героями мультфильмов и не требуют воспоминаний о содержании школьной программы по биологии. Обычный посетитель не требователен к сути музейного рассказа, он просто «не знает», о чем спрашивать. Осмотр музея как «коллекции редкостей», сопровождаемый рассказом необычных и впечатляющих фактах (о самом быстром, самом большом и самом маленьком животном), его вполне удовлетворит. Темы актуальных исследований от него далеки, также, как и базовые представления о разнообразии живой природы, систематике и происхождении видов, об экологии. Например, факт наличия родственных связей динозавров и современных птиц зачастую воспринимается не более чем курьез, ведь у этого факта нет очевидной практической значимости. Однако задача музеев в том, чтобы рассказать больше, чем можно увидеть глазами, и заронить интерес к научному знанию.

В последней трети XX века заметно изменились представления о том, что такое музей – это иногда называют «музейной революцией». Современный музей – и научный музей, в частности, – превратился в «стройплощадку культурной индустрии, мини-университет, место работы критиков, историков, кураторов, журналистов, преподавателей», как образно сформулировал американский архитектор Чарльз Дженкс.

Экспозиции и музейные программы стали важной составляющей образовательной деятельности, появились новые формы экспонирования и работы с публикой. К работе с интерпретацией коллекций приглашаются сторонние специалисты, площадкой музея становится не только

выставочный зал и лекторий, но и город, район, площадь перед музеем и т.д. Появляется понятие «музейный рассказ», «музейный сценарий», а выставки из статичного показа набора экспонатов часто превращаются в интерактивное и даже театрализованное действие. Рутинной частью работы музея стали интернет-проекты, оцифровка и создание музейных баз данных, доступных публике. Онлайн-посетители рассматриваются еще одной целевой аудиторией музея, как и реальные гости. Музеи получают лицензии на образовательную деятельность, сотрудничая с образовательными институтами, проводя курсы дополнительного образования для педагогов и специалистов.

Естественнонаучный музей сегодня – проводник не только основ естественнонаучных знаний, но и мировоззрения – представлений о месте человека и человеческого общества в мироздании, об ответственности общества за состояние окружающей среды. Непосредственная связь музея с научным институтом диктует и еще одну функцию: объяснить обществу, почему оно должно вкладывать средства в науку, и показать, чем сегодня занимаются ученые. При этом история научной коллекции – это инструмент для представления истории науки.

Центр генетических ресурсов лабораторных животных ИЦиГ СО РАН в биомедицинском импортозамещении

*Мошкин М.П. *, Герлинская Л.А., Завьялов Е.Л.*

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

E-mail: * mmp@bionet.nsc.ru

Обязательным звеном фармакологического поиска является тестирование эффективности и безопасности лекарственных средств на свободных от возбудителей болезней (specific pathogen free – SPF) лабораторных животных, стандартизированных по фенотипическим характеристикам. Как показывает анализ отчетов биоресурсных коллекций (БРК), который проводился до 2021 года в рамках одноименной программы ФАНО, только - Центр генетических ресурсов (ЦГР) лабораторных животных ИЦиГ СО РАН - способен самостоятельно, без обращения к внешним депозитариям, поддерживать биомедицинские исследования модельными организмами надлежащего качества. Это обеспечено:

- наличием в ЦГР технологии криоконсервации, что позволяет преодолевать последствия генетического дрейфа, выявляемого микросателлитным анализом, и поддерживать генетический стандарт животных путем обновления племенных ядер из криоархива;
- мониторингом здоровья в соответствии с европейскими требованиями (протокол FELASA) и использованием вспомогательных репродуктивных технологий при редеривации в случае отклонения от SPF статуса;
- получением организмов, воспроизводящих патологии человека, как за счет собственного коллекционного фонда ЦГР – самого большого в РФ, так и путем создания модельных объектов методами геномного редактирования (CRISPR/Cas 9), селекцией, хирургическими вмешательствами, фармакологией, манипуляциями с диетой и др.;
- верификацией моделей патологий на основе широкого набора методов прижизненного высокотехнологического фенотипирования;
- наличием сертификата Росаккредитации, подтверждающим соответствие требованиям надлежащей лабораторной практики (GLP).

Таким образом, в современных реалиях ЦГР ИЦиГ СО РАН может стать центральной инфраструктурой, обеспечивающей поддержание, создание и распространение модельных организмов надлежащего качества.

Поддержано грантом РФФИ № 20-14-00055.

Изучение разнообразия геномов бактерий как ключ к созданию полифункциональных микробиологических препаратов

Антонец К.С.^{1,2*}

¹Лаборатория протеомики надорганизменных систем, ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Россия, Санкт-Петербург;

²Санкт-Петербургский государственный университет, Россия, Санкт-Петербург

E-mail: * k.antonets@arriam.ru

Род бактерий *Bacillus* объединяет большое количество разнообразных видов палочковидных спорообразующих бактерий, каждый из которых в свою очередь может подразделяться на различные подвиды или серовары. Среди этих видов встречаются как важные для сельского хозяйства инсектицидные виды, используемые для борьбы с насекомыми-вредителями, так и опасные патогены человека и других млекопитающих. Но общим для большинства видов является присутствие на некоторых стадиях жизненного цикла в составе почвенной микробиоты. Мы изучили особенности пангенома рода *Bacillus*, и установили, что хотя геномы можно сгруппировать по отдельным видам, общий пангеном рода остается открытым и далек от насыщения, что позволяет сделать предположение о наличии новых форм и видов этих бактерий. Хорошим примером разнообразия генов у отдельных видов рода *Bacillus* являются гены, кодирующие токсины Сгу. На сегодняшний день известно более 700 различных форм таких белков. Нами было показано, что одной из важных причин такого разнообразия являются события рекомбинации, которые происходили в недалеком прошлом у половины генов токсинов. Работа поддержана Российским научным фондом (номер гранта 20-76-10044).

Микологические гербарии как ресурс для филогенетических, филогеографических и таксономических исследований грибов и грибообразных протистов

*Волобуев С.В. *, Новожилов Ю.К., Морозова О.В.*

Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * sergvolobuev@binran.ru

Классификация филумов Fungi и Mucoromycetes постоянно обновляется, а число известных для науки видов все ещё существенно отстает от последних оценок видового разнообразия, достигающих 3,8 млн. видов. Огромную роль в этой связи приобретает потенциал микологических гербарных коллекций как основных источников образцов ДНК для изучения биоразнообразия, филогении, таксономии и филогеографии грибов. Мировые коллекции грибов, включая коллекцию грибов БИН РАН (LE), являются огромным источником генетического материала, поскольку гербарии содержат большое число образцов, представляющих значительное число неизвестных или недостаточно изученных филогенетических линий.

Использование ризобий реликтовых растительно-микробных систем для повышения эффективности симбиоза у традиционных бобовых культур

Сафронова В.^{1*}, Сазанова А.¹, Кузнецова И.¹, Белимов А.¹, Гуро П.¹, Карлов Д.¹, Юзихин О.¹, Чирак Е.¹, Афонин А.¹, Андронов Е.¹, Тихонович И.^{1,2}

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * v.safronova@rambler.ru

Изучена перспектива использования феномена ризобиальной синергии для повышения эффективности азотфиксирующего симбиоза у люцерны (*Medicago varia*), вики обыкновенной (*Vicia sativa*) и клевера красного (*Trifolium pratense*). Растения были инокулированы соответствующими коммерческими штаммами *Sinorhizobium meliloti* RCAM1750, *Rhizobium leguminosarum* RCAM0626 или *R. leguminosarum* RCAM1365, а также штаммами *Mesorhizobium japonicum* Оро-235, *M. japonicum* Оро-242, *Bradyrhizobium* sp. Оро-243 или *M. kowhii* Ach-343, выделенными из реликтовых бобовых растений *Oxytropis popoviana* и *Astragalus chorinensis*. С помощью анализа полногеномных последовательностей было показано, что упомянутые выше изоляты дополняют коммерческие штаммы некоторыми симбиотическими генами (*fix*, *nif*, *nod*, *noe* и *noI*), а также генами, способствующими росту растений и формированию симбиоза (*acdRS*; гены, связанные с системами секреции T3SS, T4SS и T6SS, а также с биосинтезом гиббереллинов и ауксинов). Результаты микровегетационных опытов с использованием вариантов моно- и совместной инокуляции показали, что во многих случаях взаимодействие между коммерческими штаммами и изолятами выражалось в повышении симбиотических параметров (количества клубеньков, биомассы растений или ацетилен-редуктазной активности). Мы предполагаем, что дальнейшее исследование микробной синергии с использованием ризобий реликтовых бобовых растений позволит провести целенаправленную селекцию ко-микросимбионтов для повышения эффективности растительно-микробных взаимоотношений у традиционных бобовых культур.

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2022-320 от 20.04.2022 г. («Агротехнологии будущего»).

Национальная сетевая коллекция генетических ресурсов растений в сфере генетических технологий

Лоскутов И.Г.*, Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К.

ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * i.loskutov@vir.nw.ru

Целью проекта по развитию биоресурсных коллекций является создание на основе мировой коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова (ВИР) национальной сетевой коллекции генетических ресурсов растений для эффективного научно-технологического развития РФ в сфере генетических технологий. Для достижения этой цели в проекте поставлены следующие задачи: создание интегрированной дата-платформы коллекций генетических ресурсов растений и онлайн-ресурса по номенклатуре культурных растений и их диких родичей для повышения качества документирования образцов; проведение всесторонней характеристики при помощи геномных, фенотипных, омиксных и молекулярно-генетических подходов широкого спектра культур с целью дальнейшей идентификации новых генов-мишеней для применения генетических технологий; создание номенклатурных стандартов для наиболее ценных образцов коллекций плодовых и ягодных культур как физических носителей подлинности генетической информации с высокой степенью защиты; создание генетических и регенерационных паспортов с высоким регенерационным потенциалом *in vitro* широкого спектра культур для повышения качества документирования образцов и повышения их востребованности для использования в сфере генетических технологий; совершенствование методов криоконсервации образцов ряда плодовых и ягодных культур и создание посткриогенных паспортов образцов коллекции; разработка стандартов *ex situ* сохранения редактированных линий растений и прецизионных коллекций.

В результате выполнения проекта в 2021 г. проведен первый этап разработки модулей и микросервисов интегрированной дата-платформы коллекций генетических ресурсов растений (ДП ГРР); разработана структура «Справочника по номенклатуре культурных растений и их диких родичей» и стартовый список принятых названий таксонов культурных растений; сформированы выборки образцов ГРР для дальнейшей характеристики; апробировано заполнение полей в формах ДП ГРР; сформирована инструкция по подготовке номенклатурных стандартов сортов отечественной селекции и проведен онлайн курс для сетевых участников; сформированы первые выборки образцов плодовых культур для паспортизации и наборы ДНК-маркеров для паспортизации, разработана форма генетического паспорта; разработана форма регенерационного паспорта, проведена оценка регенерационной способности семечковых культур (яблоня, груша); разработана форма посткриогенного паспорта; разработаны отдельные части стандартов сохранения редактированных линий растений в *ex situ* коллекциях; разработаны разделы стандартов сохранения прецизионных коллекций в части приемки образцов. Создана лаборатория

«Национальный цифровой генбанк». В целом заложена основа развития нового функционала БРК, необходимого для эффективного применения генетических технологий в сфере растениеводства.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта Минобрнауки России «Национальная сетевая коллекция генетических ресурсов растений для эффективного научно-технологического развития РФ в сфере генетических технологий» по соглашению № 075-15-2021-1050 от 28.09.2021 г.

Международный кодекс номенклатуры культурных растений: презентация русскоязычной версии и направления практического использования

*Чухина И.Г.**

ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: * i.chukhina@vir.nw.ru

В настоящее время актуально девятое издание Международного кодекса номенклатуры культурных растений (*International Code of Nomenclature for Cultivated Plants*, 2016), который имеет первостепенное значение для правильного наименования культиваров (сортов) и обеспечения единообразия номенклатуры культурных растений. По инициативе Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н. И. Вавилова (ВИР) коллективом ученых подготовлен русскоязычный перевод «Международного кодекса номенклатуры культурных растений», который опубликован в журнале *Vavilovia*.

Высокопроизводительное генотипирование коллекции зерновых и зернобобовых культур

*Салина Е.А.**

ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

Е-mail: * salina@bionet.nsc.ru

Высокопроизводительное генотипирование в области генетики и селекции растений является базовым инструментом в последние годы для оценки генетических ресурсов, идентификации генов, контролирующих хозяйственно-ценные признаки, проведения геномной селекции. В докладе рассмотрены направления и особенности генотипирования зерновых и зернобобовых культур с использованием чиповых технологий и GBS (genotyping by sequencing) анализа, в том числе на базе ИЦиГ СО РАН. Для выполнения работ были привлечены коллекции ФИЦ ВИР (озимая пшеница), ФИЦ ИЦиГ СО РАН (яровая пшеница, ячмень), СФНЦА РАН (соя), включающие сортообразцы, различного происхождения, селекционные и генетические линии. Дана оценка эффективности использования полученных данных для генетических исследований, для паспортизации образцов, для проведения работ в области маркер-ориентированной и геномной селекции.

ISBN 978-5-00204-385-9



**СБОРНИК ТЕЗИСОВ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ
I НАУЧНОГО ФОРУМА «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»**

Издательство «Перо»

109052, Москва, Нижегородская ул., д. 29-33, стр. 27, ком. 105

Тел.: (495) 973-72-28, 665-34-36

Подписано к использованию 18.07.2022.

Объем 1,5 Мбайт. Электрон. текстовые данные. Заказ 580.