

В ходе выполнения проекта по Соглашению о предоставлении субсидии от «07» августа 2014г. № 14.604.21.0107 с Минобрнауки России в рамках федеральной целевой программы «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014-2020 годы» на этапе № 2 в период с «01» января 2015г. по «30» июня 2015г. выполнялись следующие работы:

1.1. Сборка нуклеотидных последовательностей, полученных при секвенировании 250 ВАС клонов (№1-250) в контиги.

1.2. Проведение расширенного поиска данных по генам устойчивости к грибным патогенам пшеницы и других изученных видов растений, родственных пшенице.

1.3. Разработка не менее 100 SSR и SNP маркеров по данным секвенирования ВАС-клонов.

1.4. Анализ литературных данных по поиску молекулярных маркеров, сцепленных с идентифицированными генами устойчивости к листовой ржавчине.

1.5. Материально-техническое обеспечение выполнения работ этапа.

1.6. Оценка гибридных линий пшеницы по результатам размножения семян.

При этом были получены следующие результаты:

На этапе № 2 был проведен анализ 250 ВАС клонов, полученных при секвенировании и сборка их в контиги. В результате секвенирования 250 ВАС клонов было получено около 1.129 млрд нуклеотидов. Общая длина секвенированных последовательностей после фильтрования составила 859,4 млн. нуклеотидов. Это составило в среднем 45-х кратное покрытие ВАС-клонов. В результате сборки последовательностей 250 ВАС клонов средний размер контига для каждого клона составил 8835 нт, при этом N50 составило 33267 нт.

Проведен расширенный поиск данных по генам устойчивости к грибным патогенам пшеницы и других изученных видов растений, родственных пшенице. Проанализированы данные по 10 основным локусам устойчивости у злаков, представленные в генбанках.

По данным секвенирования ВАС-клонов. Разработано 175 SSR и SNP маркеров.

Проведен анализ литературных данных по поиску молекулярных маркеров, сцепленных с идентифицированными генами устойчивости к листовой ржавчине и отобраны молекулярные маркеры, которые будут использованы на третьем этапе работы для оценки генетического разнообразия гибридных линий и сортов пшеницы по генам устойчивости к листовой ржавчине

Таким образом, все поставленные задачи по этапу №2 выполнения работ в рамках соглашения, выполнены полностью и создан научно-технический задел для успешного выполнения целей и задач последующих этапов.

Индустриальным партнером (ООО «Галактика», г.Воронеж) проведена оценка гибридных линий пшеницы по результатам размножения семян.

В работе использовались наиболее современные методы молекулярного и биоинформационного анализа геномов, а также оригинальные методические подходы, разработанные сотрудниками МГУ и НГУ. Уровень проведенных работ соответствует мировым стандартам. Полученные результаты приоритетны, выполнены на самом высоком методическом уровне и важны для решения многих как научных, так и прикладных задач генетики, селекции, биотехнологии растений и различных смежных областях.

Полученные на этапе №2 результаты были представлены на 3-ей Международной конференции "Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений" (г.Новосибирск) (17-21 июня 2015 года). Проведены необходимые мероприятия по достижению заданных значений программных индикаторов. Показатели "Доля исследователей в возрасте до 39 лет в общей численности исследователей-участников проекта" и "Средний возраст исследователей – участников проекта", «Объем привлеченных внебюджетных средств» превышают запланированные. Таким образом, полученные на этапе результаты соответствуют техническим требованиям к выполняемому проекту. Все работы на первом этапе были выполнены в полном объеме и в срок. Комиссия Минобрнауки России признала обязательства по Соглашению на отчетном этапе исполненными надлежащим образом.