

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 № 3 в период с «01» июля 2015г. по «31» декабря 2015г. выполнялись следующие работы:

- 1.1. Идентификация предполагаемых генов в нуклеотидных последовательностях контигов и предсказание их функций методами биоинформатики.
- 1.2. Создание базы данных по генам устойчивости к грибным патогенам пшеницы и других злаков.
- 1.3. Тестирование SSR маркеров на выборке из не менее 30 сортов и линий пшеницы, различного происхождения.
- 1.4. Оценка генетического разнообразия не менее 50 гибридных линий пшеницы и сортов пшеницы по генам устойчивости к листовой ржавчине, по данным анализа с молекулярными маркерами.

При этом были получены следующие результаты:

с использованием биоинформационных методов проведен анализ последовательностей 52 контигов, полученных в результате секвенирования ВАС-клонов пшеницы;

был определен биоинформационный алгоритм идентификации NBS-LRR генов пшеницы. Проведенный анализ 41 млн нуклеотидов позволил выявить 5109 генов, включая последовательности 21 нового гена устойчивости пшеницы. Для идентифицированных генов устойчивости была определена их экзон/интронная структура, определен тип R-генов, к которому принадлежал каждый их определенных генов, определены и охарактеризованы основные домены и мотивы;

создана база данных генов устойчивости к фитопатогенам, состоящая из трех таблиц (гены, аллели, нуклеотидные последовательности) и содержащая 111 уникальных записей (карточек);

на выборке из 30 сортов и линий пшеницы, различного происхождения проведено тестирование 18 SSR-маркеров. Показано, что все тестируемые сорта и линии, кроме Chinese Spring, характеризуются устойчивостью к расам бурой ржавчины Западно-Сибирского региона. Были выявлены 4 SSR-маркера, выявляющие высокий уровень полиморфизма у сортов, устойчивых к бурой ржавчине и неустойчивого сорта Chinese Spring;

результаты анализа 50 сортов и селекционных линий мягкой пшеницы показали, что большая часть из них защищена комбинацией генов *Lr1*, *Lr10*,

*Lr19*. Показано, что в сортообразцах отсутствуют *Lr25*, *Lr28* и *Lr29* гены устойчивости против патотипов западносибирской популяции листовой ржавчины, что позволяет рекомендовать включение этих генов в селекционные программы. На основе данных о полиморфизме последовательности гена *Lr34* была подготовлена заявка на патент.

Все поставленные задачи по промежуточному этапу №3 в соответствии с Планом-графиком выполнены полностью и создан научно-технический задел для успешного выполнения целей и задач последующих этапов.

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.

Проведены необходимые мероприятия по достижению заданных значений программных индикаторов. Показатели "Доля исследователей в возрасте до 39 лет в общей численности исследователей-участников проекта" и «Объем привлеченных внебюджетных средств» превышают запланированные. Таким образом, полученные на этапе результаты соответствуют техническим требованиям к выполняемому проекту. Все работы на третьем этапе были выполнены в полном объеме и в срок. Комиссия Минобрнауки России признала обязательства по Соглашению на отчетном этапе исполненными надлежащим образом.