

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 № 4 в период с «01» января 2016г. по «30» июня 2016г. выполнялись следующие работы:

1. Секвенирование 250 ВАС-клонов (№251-500) мягкой пшеницы.
2. Сборка нуклеотидных последовательностей, полученных при секвенировании 250 ВАС клонов (№251-500) в контиги, идентификация генов и предсказание их функций.
3. Разработка генной сети формирования ответа на инфекцию, вызванную патогенными грибами.
4. Разработка лабораторной методики генотипирования растений с использованием молекулярных маркеров, для генов, определяющих устойчивость к листовой ржавчине.

При этом были получены следующие результаты:

1. В результате секвенирования 250 ВАС-клонов мягкой пшеницы (№251-500) было получено около 936 млн. нуклеотидов. Суммарная длина последовательностей после фильтрования составила 608,4 млн. нуклеотидов, что в среднем составило 2,4336 млн нуклеотидов на клон.

2. Сборка полученных последовательностей в объединяющие их контиги проводили с помощью программы GS de novo Assembler (Roche). В результате сборки последовательностей 250 ВАС-клонов средний размер контига для каждого клона составил 7503 нт, при этом N50 равен 16476 нт. По данным секвенирования ВАС-клонов проведена идентификация генов в полученных последовательностях и предсказание их функций. Всего было предсказано 3799 генов, из которых 363 гена с содержательным описанием. Также было идентифицировано 3 новых гена пшеницы высоко гомологичных известным Lr генам устойчивости к листовой ржавчине.

3. Разработана генная сеть формирования ответа на инфекцию, вызванную патогенными грибами. Используя технологию GenNet, были представлены регуляторные взаимодействия между генами защитного ответа у пшениц во время инфицирования патогенными грибами. Показано, что в формировании защитного ответа у пшениц участвуют различные механизмы, характерные для представителей других видов растений.

4. По результатам анализа 28 изогенных линий и 32 сортов пшеницы, устойчивых к листовой ржавчине, была разработана лабораторная методика

генотипирования растений с использованием 13 специфических маркеров к генам устойчивости к бурой ржавчине.

Все поставленные задачи по промежуточному этапу №4 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 четвертом этапе были выполнены в полном объеме и в срок.