

фенотипирования ряда декоративных растений и важнейших модельных видов (*Arabidopsis thaliana* и *Triticum aestivum*) с использованием RGB/HSV-имиджинга, спектрального анализа, методов машинного зрения и сверточных нейронных сетей. Разработаны и апробированы три мини-платформы для цифрового фенотипирования высших растений на базе SLR-камер. С их использованием протестировано воздействие ряда регуляторов роста и стрессоров на рост и развитие растений различных генотипов. В частности, впервые продемонстрировано участие редокс-сенсоров калиевых каналов GORK в ростовом ответе корня высших растений на солевой, осмотический и окислительный стресс, выявлены особенности ответа ростовых показателей корня на экзогенный аскорбат, присутствие различных brassinosterоидов, ауксинов, ионов никеля и меди, низких значений pH, различных химических форм алюминия и бора. Получены и проанализированы цифровые спектральные характеристики изображений декоративных растений на разных стадиях их роста и развития в нестерильных условиях, а также системах *in vitro* и *ex vitro*.

Метаболомный анализ как инструмент изучения физиологических и фармацевтических свойств растительных объектов

Орлова А.А.^{А,Б,*}, Кисель Э.В.^В, Фролова Н.В.^В, Черевацкая М.А.^Б, Бурейко К.М.^Г, Соболева А.В.^{А,В,Г}, Попова В.В.^В, Ерофеева Н.О.^Г, Силинская С.А.^Г, Билова Т.Е.^{А,Б}, Фролов А.А.^{А,В,Г}

^АИнститут физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Лаборатория клеточной регуляции, Москва, Россия

^ВСанкт-Петербургский государственный университет, Кафедра физиологии и биохимии растений, Санкт-Петербург, Россия

^БИнститут биохимии растений им. Лейбница, Департамент Биоорганической Химии Галле, Германия

^ГСанкт-Петербургский государственный университет, Кафедра биохимии, Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: anastasiya.lebedkova@spcru.ru

Метаболомика представляет собой совокупность методологических подходов к исчерпывающему качественному и количественному анализу метаболитов определенной биологической системы. Метаболомика растений является собой сравнительно недавно созданную платформу, базирующуюся на ряде распространенных высокоэффективных аналитических подходах, в основе которых лежат методы газовой и жидкостной хромато-масс-спектрометрии и спектроскопии ядерного магнитного резонанса. Методы метаболомики находятся в постоянном развитии, привнося новые возможности в фундаментальные и прикладные исследования растительных объектов, так как ее важность для получения новых знаний о биологических и физиологических свойствах растительных организмов, а также в оценке возможностей их использования в области медицины, биотехнологии и агробиотехнологии, не вызывает сомнений.

В проводимых нами исследованиях показана возможность оценки динамики накопления отдельных метаболитов как физиологического ответа организма на воздействия абиотических факторов окружающей среды. Выявлена возможность использования метаболомного подхода в процессе поиска новых лекарственных кандидатов для фармацевтической промышленности. Изучение различий в составе вторичных метаболитов различных видов растений традиционной медицины, и дальнейшее соотнесение их метаболома с экспериментальными результатами оценки отдельных типов фармакологической активности на моделях *in vitro*, дает возможность, с одной стороны, выявить потенциально значимые объекты для внесения их в перечень официальных лекарственных растений, а, с другой, определить целевые биологически

активные соединения для дальнейшей наработки и оценки их потенциала использования в фармацевтической практике.

Реконструкция и анализ пангенома картофеля *Solanum tuberosum* сортов сибирской селекции

Каретников Д.И.^{А,Б,В*}, Генаев М.А.^{А,Б}, Нестеров М.А.^{А,Б}, Ибрагимова С.М.^{А,Б}, Васильев Г.В.^{А,Б}, Тошаков С.В.^Г, Гавриленко Т.А.^Д, Афонников Д.А.^{А,Б}, Салина Е.А.^{А,Б}, Патрушев М.В.^Г, Кочетов А.В.^{А,Б}

^АФИЦ Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

^БКурчатовский геномный центр ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Россия

^ВНовосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

^ГНИЦ Курчатовский институт, Москва, Россия

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

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

При изучении сельскохозяйственных растений расшифровка геномной последовательности позволяет определять в ней гены и разрабатывать маркеры для поиска ассоциаций с фенотипическими признаками. Однако в геномах представителей одного вида могут быть структурные различия, которые невозможно выявить на основе одной референсной последовательности. Анализ нескольких геномов (пангенома) разрешает эту проблему, т. к. появляется возможность выделить в них наборы как общих, так и вариабельных генов. Вариабельная часть особенно важна для изучения, так как ее формируют гены, связанные с адаптацией растений к условиям внешней среды, устойчивостью к заболеваниям и абиотическим и биотическим стрессам. Мы провели исследование пангенома важнейшей сельскохозяйственной культуры, картофеля *Solanum tuberosum* 7 сортов сибирской селекции. Секвенирование было произведено парными короткими прочтениями Illumina и позволило получить сборку ДНК на уровне экзомов. Данная сборка была улучшена за счёт использования референсного генома картофеля DM1-3 516 R44, на ее основе идентифицированы белок-кодирующие гены. Выявлены структурные вариации для генотипов и проведено их сравнение, в том числе и с несколькими зарубежными сортами [Kyriakidou et al., 2020]. Выявлены консервативная и вариабельная части пангенома, определены их функции. Показано, что пангеном является открытым.

Работа выполнена за счет финансирования Курчатовского геномного центра ФИЦ ИЦиГ СО РАН, соглашение с Министерством образования и науки РФ № 075-15-2019-1662. Вычисления проводились с использованием ресурсов ЦКП «Биоинформатика».

Системы цифрового фенотипирования высших растений в условиях *in vivo* и *in vitro* на основе свёрточных нейронных сетей

Бондаренко В.Ю., Шашко А.Ю., Демидчик В.В.*

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь

*E-mail: dzemidchik@bsu.by

Феномика растений представляет собой омиксную дисциплину, сводящую информацию об анатомо-морфологических характеристиках и физиологических процессах в растительном организме к численно-анализируемому цифровому формату, схожему с массивами информации в геномике. В настоящее время актуальным является разработка недорогих и доступных платформ цифрового фенотипирования, основанных на глубоком анализе фенотипа с помощью искусственных нейронных сетей. Целью данной работы являлись разработка и апробация сверточных нейронных сетей нового поколения для высокоточного анализа таксономических и сортовых характеристик растений, их физиологического состояния в условиях открытого грунта