

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 варьируемых генов. Варируемая 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 экзотов. 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 варьируемая 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