

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.<sup>А,Б,В\*</sup>, Генаев М.А.<sup>А,Б</sup>, Нестеров М.А.<sup>А,Б</sup>, Ибрагимова С.М.<sup>А,Б</sup>, Васильев Г.В.<sup>А,Б</sup>, Тошаков С.В.<sup>Г</sup>, Гавриленко Т.А.<sup>Д</sup>, Афонников Д.А.<sup>А,Б</sup>, Салина Е.А.<sup>А,Б</sup>, Патрушев М.В.<sup>Г</sup>, Кочетов А.В.<sup>А,Б</sup>**

<sup>А</sup>ФИЦ Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>Б</sup>Курчатовский геномный центр ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Россия

<sup>В</sup>Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

<sup>Г</sup>НИЦ Курчатовский институт, Москва, Россия

<sup>Д</sup>ФИЦ 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

и *in vitro*, а также определения степени укоренения в условиях *in vitro*. Для реализации моделей нейронных сетей был использован язык программирования Python3, фреймворк TensorFlow и специализированные библиотеки для визуализации результатов (Pandas, Matplotlib и др.). Разработаны оригинальные системы получения и обработки изображений, а также последующего формирования баз данных, необходимых для обучения нейронных сетей. Создано 4 группы платформ фенотипирования на основе нейронных сетей, отличающихся по техническим подходам, объекту и задачам. Использовано более 100000 изображений *Heuchera* sp., *Hydrangea* sp., *Potentilla* sp., *Hosta* sp., *Berberis* sp., *Betula* sp., *Cornus* sp., *Salix* sp., *Rubus* sp., *Physocarpus* sp., *Syringa* sp., *Spiraea* sp., *Forsythia* sp., *Philadelphus* sp., *Picea* sp., *Juniperus* sp., *Thuja* sp. и других видов растений. База данных была построена из 25 различных классов, каждый из которых соответствовал отдельному виду или сорту. Созданные на базе нейронных сетей феномные системы показали высокий уровень точности при сортовидовой верификации декоративных растений, определении уровня стрессированности (физиологической жизнеспособности) растений, количественного анализа поражения патогенами (септория, фитофтора, парша, ржавчина, черная гниль и др.), анализ ростовых параметров растений в условиях *in vitro* внутри стерильных культивационных сосудов, пластиковых чашках (*Arabidopsis thaliana*, *Triticum aestivum*, *Pisum sativum* и др.) и водных культурах. Разработанные системы позволяют проводить автоматический анализ скорости роста корневой системы генетически отличных растений (природных экотипов, нокаутов по определенным генам и др.) в ответ на регуляторы роста, стрессоры и другие воздействия. Продемонстрирована возможность использования разработанной феномной платформы для проведения ускоренного скрининга генотипов растений с заданными свойствами.

## Сессия 2

### **Формирование внутри- и межвидовой изменчивости лесных древесных растений и фитопатогенных грибов**

**Падутов В.Е.\* , Баранов О.Ю.**

Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь

\*E-mail: forestgen@mail.ru

Процессы формирования генетической изменчивости лесных древесных растений и фитопатогенных грибов на молекулярном уровне являются сходными, и обусловлены, преимущественно, особенностями нуклеотидной структуры локусов ДНК. Уровень изменчивости ДНК-локусов в первую очередь определяется их индивидуальными структурно-функциональными характеристиками, а не принадлежностью к определенному типу маркеров. Отличительной особенностью фитопатогенных грибов от лесных древесных растений на надгенном уровне, является превалирование у них среди мультикопийных локусов генов вторичного метаболизма, к которым относятся и факторы патогенности и вирулентности. В то же время гены первичного метаболизма имеют сходный порядок копийности. Популяционная структура лесных древесных растений характеризуется высоким уровнем генотипического разнообразия и низкой степенью межпопуляционной подразделенности. У фитопатогенных микромицетов уровень генотипической гетерогенности внутри популяций является низким или отсутствует, а внутривидовая изменчивость главным образом связана с формированием межпопуляционных различий. Основными факторами, определяющими интенсивность протекания процессов видообразования и их особенности у лесных древесных растений и фитопатогенных грибов, являются: особенности смены ядерных фаз в ходе онтогенеза, степень генетической подразделенности и дифференциации популяций, продолжительность жизненного цикла.