

Тема 708. Развитие фундаментальных основ селекции сельскохозяйственных растений и животных с использованием геномных и информационных технологий

АННОТАЦИЯ

Цель конкурса – организация междисциплинарных фундаментальных исследований, ориентированных на развитие сельскохозяйственной науки, интегрирующих новейшие достижения генетики, селекции, геномики и биоинформатики. Генетические технологии лежат в основе таких современных подходов, как геномная и маркер-ориентированная селекция сельскохозяйственных животных и растений. Эти подходы используют диагностические ДНК-маркеры, ассоциированные с хозяйственно ценными признаками, а также их комбинации для отбора растений и животных с заданными свойствами. Поиск ДНК-маркеров требует знаний о молекулярно-генетических механизмах контроля хозяйственно ценных признаков, для чего используются методы геномики и транскриптомики, протеомное и метаболомное профилирование. На этой основе выявляются также гены-мишени для геномного редактирования – внесения направленных изменений в определенные участки геномов. Геномная селекция основана на использовании информации о полных геномах сельскохозяйственных растений и животных и методах биоинформатики для выявления взаимосвязи между вариантами геномных локусов и степенью проявления хозяйственно значимых признаков. Этот подход, доказавший свою эффективность для создания высокопродуктивных сельскохозяйственных животных, до сих пор не нашел широкого применения в селекционной практике российского сельского хозяйства. Развитие омиксных технологий привело к накоплению огромных объемов геномных, транскриптомных, протеомных и метаболомных данных о различных аспектах структурно-функциональной организации молекулярно-генетических, клеточных, биохимических и физиологических систем и процессов, контролирующих формирование фенотипических характеристик сельскохозяйственных растений и животных. В связи с этим необходима разработка интеллектуальных методов интеграции и анализа таких данных для реконструкции генных сетей, контролирующих селекционно значимые признаки. Современная селекция требует разработки компьютерных технологий для быстрого, точного и массового фенотипирования растений в полевых и лабораторных условиях, основанных на использовании мобильных устройств для регистрации изображений с их последующим автоматическим анализом и вводом информации в базу селекционных данных. При переходе к экологически безопасному растениеводству важнейшую роль приобретают метагеномные технологии, ориентированные на изучение микробно-растительных взаимодействий, обеспечивающих повышение продуктивности и устойчивости сельскохозяйственных растений к биотическим и абиотическим стрессам, а также разработку подходов к комплексной метагеномной

оценке почвенной обстановки выращивания растений. Выбор стратегий селекции продовольственных и кормовых культур требует понимания характера влияния компонентов пищи на экспрессию генов человека и животных. Эту задачу решает нутригеномика, которая с помощью омиксных технологий изучает влияние компонентов пищи на функциональную активность генов и метаболических путей человека и животных. Результаты реализации проектов по данному конкурсу будут способствовать выполнению Указа Президента Российской Федерации № 253 от 21.07.2016 г. «О мерах по реализации государственной научно-технической политики в интересах сельского хозяйства». Тематика конкурса соответствует приоритетам Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации (от 01.12.2016 г.), обеспечивая переход к высокопродуктивному и экологически чистому агро- и аквахозяйству, разработку и внедрение систем рационального применения средств химической и биологической защиты сельскохозяйственных растений и животных, хранение и эффективную переработку сельскохозяйственной продукции, создание безопасных и качественных, в том числе функциональных, продуктов питания.

Рубрикатор

- 708.1. Маркер-ориентированная и геномная селекция сельскохозяйственных растений.
- 708.2. Геномное редактирование сельскохозяйственных растений.
- 708.3. Разработка методов высокопроизводительного фенотипирования сельскохозяйственных растений на основе компьютерного анализа цифровых изображений, баз данных и мобильных устройств.
- 708.4. Экспериментальное изучение молекулярно-генетических механизмов формирования селекционно значимых признаков сельскохозяйственных растений и животных на основе геномных технологий.
- 708.5. Разработка интеллектуальных методов интеграции и анализа гетерогенных данных (геномных, транскриптомных, протеомных и метаболомных) для реконструкции генных сетей, контролирующих селекционно значимые признаки растений и животных.
- 708.6. Геномная оценка племенной ценности сельскохозяйственных животных на основе анализа больших объемов экспериментальных данных.
- 708.7. Методы получения генеративного материала для геномного редактирования сельскохозяйственных животных.
- 708.8. Разработка подходов к программированию эмбрионального развития животных при оплодотворении *in vitro* для получения потомков с хозяйственно ценными свойствами, основанная на сравнительном транскриптомном и протеомном профилировании эмбрионов в различных условиях культивирования.
- 708.9. Нутригеномика: оценка влияния компонентов пищи на экспрессию генов млекопитающих.
- 708.10. Метагеномика: микробно-растительные системы для повышения продуктивности и устойчивости сельскохозяйственных растений.

708.11. Разработка геномных подходов для селекции сельскохозяйственных растений-продуцентов сложных углеводов для пищевой промышленности.