

# Молекулярная генетика на службе АПК

Точные знания о структуре и функционировании геномов, механизмах генетической детерминации хозяйственно ценных признаков – основа для создания новых конкурентоспособных сортов и гибридов сельскохозяйственных культур, пород, типов и кроссов животных.

Институтом генетики и цитологии совместно с НПЦ НАН Беларуси по земледелию, НПЦ НАН Беларуси по животноводству, БГСХА, Институтом овощеводства, Институтом льна многие годы разрабатываются и успешно применяются на практике технологии молекулярного маркирования геномов, которые позволяют оценить качество исходного селекционного материала, определить доноров хозяйственно ценных признаков, контролировать передачу желательных генов в процессе выведения новых сортов растений и пород животных с заданными свойствами; осуществлять ДНК-идентификацию и паспортизацию различных биологических объектов.

С целью повышения эффективности отечественного растениеводства изучаются гены, детерминирующие формирование продуктивности, качества, устойчивости к абиотическим и биотическим стрессам у ряда сельскохозяйственных культур. Разработаны наборы ДНК-маркеров для маркер-опосредованной селекции, которые успешно применяются на практике.

Более 30 лет ведутся работы по созданию высокопродуктивных сортов сои и высокомасличных гибридов подсолнечника для

климатических условий Беларуси. Получены практико-ориентированные данные по генетике фотопериодизма сои, маркерам накопления белка в зерне, устойчивости к абиотическому стрессу. Без участия сторонних организаций созданы сорта Птичь, Пушчанская, Василиса.

Разработаны и изучены по показателям продуктивности, масличности, устойчивости к различным факторам среды более 1 тыс. гибридных комбинаций подсолнечника. Гибриды Поиск, Белорусский ранний стали стандартами госсортоиспытаний для своих групп спелости и демонстрируют высокую стабильность масличности в различных агроэкологических условиях.

С целью получения сортов льна масличного с заранее спрогнозированным жирнокислотным составом разработана геномная технология, позволяющая эффективно отбирать формы, гомозиготные по генам, контролирующим синтез основных жирных кислот, определяющих качество льняного масла. Совместно с Институтом льна создан масличный сорт Дар, устойчивый к полеганию, фузариозному увяданию и с высокой урожайностью семян.

Исследования последних лет направлены на изучение меха-

низмов устойчивости к засухе и пониженным температурам у растений семейства *Brassicaceae*. Работы включают всестороннее изучение коровых коллекций рапса с помощью биоинформатического анализа транскриптомов, что позволяет охарактеризовать полный перечень генов, ассоциированных с реакцией на абиотический стресс, а также проводить молекулярно-генетическую идентификацию каждого ДНК-маркера, связанного с отдельным видом данного стресса.

Кроме того, разработаны ДНК-маркеры, обеспечивающие независимое тестирование генов, контролирующих комплекс хозяйственно ценных признаков рапса: содержание клетчатки в семенах, уровни содержания ненасыщенных жирных кислот, устойчивость к фомозу и морозостойкость. Технологии применены при маркер-сопутствующей селекции сортов Герцог, Амур, Федор и Медей, созданных совместно с НПЦ НАН Беларуси по земледелию.

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum L.*) играет ключевую роль в обеспечении продовольствием населения во всем мире. Для данного вида отмечено обеднение генофонда по признакам качества зерна, что обусловлено широким распространением однотипных сортов, селекция которых велась в основном на урожайность. Известно, что дикие и примитивные пшеницы характеризуются лучшими биохимиче-

скими показателями, чем сорта и селекционные линии. В институте созданы интрогрессивные линии от скрещиваний сортов *T. aestivum* с образцами видов *T. dicoccoides*, *T. dicoccum*, *T. durum*, *T. spelta*, *T. kiharae*. Молекулярно-цитогенетический анализ (С-бэндинг, генотипирование маркерами SNP и SSR) показал, что у всех интрогрессивных линий произошли рекомбинационные события с участием хромосом сородичей пшеницы или их фрагментов. Установлено положительное влияние интрогрессии чужеродного генетического материала на качественные показатели зерна: накопление микроэлементов (Zn, Fe, Cu, Mn), аминокислот, содержание белка и клейковины. Показана перспективность использования родственных видов для повышения питательной ценности зерна мягкой пшеницы. Линии с чужеродным генетическим материалом со стабильно высокими показателями качества зерна переданы как для научных исследований (Институт биологии Карельского научного центра РАН, Институт цитологии и генетики СО РАН), так и для включения в селекционный процесс (НПЦ НАН Беларуси по земледелию, ВИР им. Н.И. Вавилова, Институт ботаники, физиологии и генетики растений НАН Таджикистана).

Ведутся исследования в области авто- и аллополиплоидии зерновых культур. Разработан высокоэффективный метод полиплоидизации ржи с использованием закиси азота, который в 10 раз эффективнее традиционного метода колхицинирования. С помощью нового метода в период 2010–2024 гг. получено более 30 тетраплоидных селекционных образцов ржи, на основе двух из них созданы и районированы сорта Росана и Камея 16.

Последний с 2021 г. является сортом-стандартом, посевные площади под которым ежегодно увеличиваются (более 2 тыс. га в 2024 г.).

Специалистами института разработана технология создания нового типа ржано-пшеничных гибридов – секалотритикум. В отличие от тритикале, секалотритикум имеет цитоплазму не пшеницы, а ржи. Показано, что геном секалотритикума более стабилен – это может обеспечить лучшую продуктивность и устойчивость к неблагоприятным факторам среды. 30 образцов секалотритикума уже проходят испытания.

Созданы и внедрены в селекционный процесс эффективные методы идентификации генов, детерминирующих устойчивость к болезням и вредителям плодовых культур, абиотическому стрессу. Так, определены ДНК-маркеры, сцепленные с генами авирулентности яблони к парше, мучнистой росе, красногалловой яблонной тле и бактериальному ожогу. С помощью методов биоинформатики впервые идентифицированы гены, кодирующие транскрипционные факторы семейства *Trihelix* в геноме яблони. Определено их количество, длина, расположение в геноме, филогенетические связи. Показано, что они задействованы в ответе на абиотический стресс.

Получены ценные межвидовые гибриды картофеля, несущие гены авирулентности к фитофторозу *Rpi-sto1*, *Rpi-sto VII* и Y-вирусу *RystoV*. Выявлены ДНК-маркеры к генам устойчивости картофеля к цистообразующей нематоде.

Современная направленность на здоровый образ жизни напрямую связана с проблемами функционального питания человека, в частности с выведением сортов растений, обладающих высокой анти-

радикальной и антиоксидантной активностью за счет накопления комплекса биологически активных веществ (БАВ). В Институте генетики и цитологии с использованием методов сравнительного анализа структуры и функций генов биосинтеза и регуляции накопления каротиноидов и антоцианов выявлены новые аллели генов и гены-гомологи, связанные с увеличением и распределением пигментов в плодах у пасленовых культур (томат, перец, баклажан). Совместно с БГСХА создано 12 сортов и гибридов томата с высоким накоплением БАВ.

На основе полиморфизма 50 генов томата и перца разработаны и апробированы SCAR и CAPS-маркеры ценных аллелей генов, детерминирующих качество плодов, габитус растений, устойчивость к грибным, бактериальным, вирусным болезням, функциональную мужскую стерильность, форму плода. В сотрудничестве с БГСХА и Институтом овощеводства создано 53 сорта.

С использованием анализа генетического разнообразия разработаны методы ДНК-идентификации сортов 18 экономически важных сельскохозяйственных культур: пшеницы, ячменя, картофеля, льна, томата, сои, подсолнечника, яблони, груши, сливы обыкновенной, сливы диплоидной, вишни, черешни, абрикоса, смородины черной, смородины красной, крыжовника обыкновенного, земляники садовой и видов *Fragaria*. Данный подход позволяет быстро определить видовую, сортовую принадлежность и гибридное происхождение генотипов, минуя оценку по морфологическим признакам, защитить авторские права, исключить возможность фальсификации закупаемых за рубежом семян и связанных с этим экономических потерь.

Исследования Института генетики и цитологии для отраслей животноводства направлены на изучение аллелофондов пород животных, отбор генетически лучших особей по хозяйственно ценным признакам, элиминацию наследственных дефектов, контроль происхождения и чистопородности.

Для повышения фертильности молочного голштинского скота белорусской селекции разработаны методики генетического мониторинга популяций по выявлению детерминированных наследственных заболеваний – гаплотипов фертильности NN1, NN3, NN4, NN5, NCD, комплексного порока позвоночника, брахиспинального синдрома, дефицита лейкоцитарной адгезии, ранней абортруемости эмбрионов, дефицита 11 фактора крови, цитруллинемии. В период 2017–2023 гг. постоянный контроль распространения наследственных генетических дефектов привел к снижению частоты выявления животных – скрытых носителей синдрома брахиспина (BY, NN0) в 6,5 раза, дефицита лейкоцитарной адгезии (BLAD, NNВ) в 3,5 раза, дефицита холестерина (HCD) в 4,4 раза, комплексного порока позвоночника (CVM, HNC) в 1,8 раза.

С целью повышения фертильности мясных пород крупного рогатого скота разработаны методики выявления аутосомно-рецессивных заболеваний: множественного артрогрипоза, дубликации развития, лизосомального альфа-маннозидоза, карликовости.

Совместно с Всероссийским НИИ животноводства им. ак. Л. К. Эрнста впервые проведено полногеномное генотипирование белорусского красного скота. Установлено его отличие

от европейских тауриновых пород и определен вклад зарубежных красных пород в его формирование: бурая швицкая – 37,9%, датская красная – 33,3%, финская айширская – 16,9%. Обнаружены уникальные генетические особенности (полиморфизмы 17 генов), значимо ассоциированные с компонентным составом молока, что позволяет рассматривать белорусский красный скот как ценный национальный генетический ресурс, обладающий высоким потенциалом как для внутривидового совершенствования, так и межпородного скрещивания.

Для повышения эффективности свиноводства разработаны панели ДНК-маркеров с целью детекции селекционно значимых полиморфизмов в генах, ассоциированных с многоплодием, молочностью, крупноплодностью, плодовитостью, развитием «кратерности» сосков, мясо-откормочными качествами. Созданы методы ДНК-диагностики наследственных генетических аномалий свиней: дефект неподвижности короткохвостых сперматозоидов, RN-синдром, «кислое мясо», RYR-синдром, злокачественная гипертермия, DMD-стресс-синдром поросят в постотъемный период. На основе конкурентной аллель-специфической ПЦР-KASP разработана тест-система для определения пород домашних свиней.

В настоящее время в мировой аквакультуре широко используется генетическая сертификация элитных производителей для получения полноценного потомства. В институте разработаны ДНК-технологии для определения видовой и породной принадлежности рыб, выращиваемых в аквакультуре Беларуси (белый и пестрый толстолобик, белый амур, амурский сазан, карп).

Маркер-сопутствующая селекция позволяет выявить перспективных производителей для товарного и племенного выращивания и исключить из их групп особей гибридного происхождения.

Институт генетики и цитологии единственный в стране имеет аккредитацию на генетическую сертификацию рыб семейства осетровых. Установление видовой принадлежности рыб (продуктов, икры) с помощью разработанных технологий анализа митохондриального и ядерного геномов направлено на выявление фальсифицированной продукции и защиту интересов потребителей.

Таким образом, в результате реализации заданий государственных программ разработаны практико-ориентированные геномные биотехнологии, которые внедряются в Республиканском центре геномных биотехнологий. Заказчиками услуг генетического тестирования выступают учреждения Минсельхозпрода и Минприроды.

Комплексное применение молекулярно-генетических и селекционных исследований приносит ощутимый экономический эффект: в растениеводстве – ускоренное создание сортов с заданными свойствами; в животноводстве – улучшение воспроизводительных и продуктивных качеств племенного скота. ■

А. Кильчевский,  
заместитель Председателя  
Президиума НАН Беларуси,  
академик,

Л. Макарина-Кибак,  
директор Института генетики и  
цитологии НАН Беларуси, д.м.н.,

Е. Гузенко,  
замдиректора по научной и  
инновационной работе  
Института генетики и цитологии  
НАН Беларуси, к.б.н.