**Результаты работы по второму этапу проекта “Разработка прототипа инновационной программы селекции и использование генетического разнообразия сортов коллекции Всероссийского института генетических ресурсов им. Н.И.Вавилова для селекционного улучшения сои в целях о беспечения продовольственной безопасности России”**

*Соглашение с Минобрнауки о предоставлении субсидии 14.575.21.0136 от  26.09.2017 на период 2017 - 2019 гг., уникальный идентификатор проекта: RFMEFI57517X0136*

Целями и задачами второго этапа работы по проекту были получение геномных данных, выбор и сравнение программ для анализа этих данных, создание баз данных для хранения данных, анализ влияния изменения климата на хозяйственно-ценные признаки сои, фенотипирование образцов сои в контрастных условиях, проведение дополнительных патентных исследований в соответствии с ГОСТ Р 15.011-96. Получению геномных данных предшествовали работы по сравнительному анализу, тестированию и оптимизации существующих протоколов выделения ДНК и приготовления библиотек для секвенирования.

Задачи этапа органично вытекают из задач проекта и направлены на их решение. Для использования геномного подхода в селекции необходимо проведение широкомасштабного генотипирования, то есть получение информации об аллельных состояниях большого количества локусов генома у значительного количества индивидуальных растений. Поэтому создание методологической базы для проведения широкомасштабного генотипирования является необходимым этапом проведения работы.

В настоящее время одним из наиболее популярных подходов для анализа большого числа генотипов в селекции растений является секвенирование с уменьшением комплексности генома, прежде всего, это различные модификации RAD и GBS методов. При разработке и применении методов геномной селекции сои для достижения максимальной эффективности необходим предварительный выбор наиболее подходящих для данной культуры методов выделения высококачественных препаратов нуклеиновых кислот и подготовки ДНК-библиотек для их дальнейшего секвенирования. Для получения информации об аллельных состояниях локусов генома используются биоинформатические программы, важным этапом является их сравнительный анализ, тестирование и оптимизация. Эффективная работа с данными невозможна без разработки систем для их хранения, автоматической загрузки и обработки, в связи с этим выполнен анализ пригодности известных систем для хранения информации о генетических ресурсах растений и разработаны база данных одноонуклеотидных полиморфизмов, инсерций/делеций, вариантов копийности сортов сои, фенотипов и агроклиматических характеристик сортов с учетом района изучения и база данных маркеров, локусов и новых аллелей селекционного улучшения сои; на каждую из баз данных оформлена эскизная техническая документация. В рамках изучения влияния изменения климата на хозяйственно-ценные признаки сои выполнен расчет ансамбля сценариев изменений климата на суперкомпьютере, адаптированы суперкомпьютерные методы выявления трендов из длинных временных рядов агроклиматических наблюдений, исследована динамика изменения климатических условий, влияющих на соеводство и определены новые границы зон возделывания на основе GIS-технологий. Осуществлены посев сортов сои в трех контрастных по длине дня и температурам пунктах, фенотипирование этих сортов по продуктивности и содержанию белка и масла, статистический анализ фенотипических данных.