

**1 квартал 2021 года - Сведения о научных исследованиях Научного центра мирового уровня
“Агротехнологии будущего»**

ФГБУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева».

1. Разработаны методы и модели для осуществления сбора, хранения и обработки интенсивных потоков множественной разнородной информации об экологическом состоянии распределенных объектов и процессов АПК, прогнозов его развития. Сформирован прототип универсального протокола, обеспечивающего возможность сбора и интеграции разрозненных данных об экологическом состоянии объектов и процессов АПК.
2. Выполнена разработка методологических подходов для анализа факторов формирования качества сырья и продукции в системе прослеживаемости на базе разработанной модели управления качеством и квалитметрического прогнозирования. Выявлены основные пороки мясного сырья и наиболее важные факторы, оказывающие влияние на риск их формирования: восприимчивость животного к стрессу при выращивании, транспортировки, подгона к месту убоя и убою.
3. Проведены исследования влияние сортов, условий выращивания на показатели качества и функциональные свойства муки. Проведённые исследования свидетельствуют о том, что в зерне изученных сортов тритикале накапливается на 1-2 % белка больше по сравнению с сортами мягкой пшеницы.
4. Проведены реципрокные отдаленные скрещивания донора моногенной доминантной устойчивости к сосудистому бактериозу (возб. *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*), линии капусты абиссинской PI199947 (*Brassica carinata*) с

реципиентом, диплоидными ($2n=2x$) и тетраплоидными ($2n=4x$) линиями капусты белокочанной (*B.oleracea*).

5. Проведена оценка эффективности внедрения инновационных технологий, разрабатываемых в рамках отдельных мероприятий, планируемых в сферах деятельности НЦМУ.

6. Проведен анализ динамики площади земель сельскохозяйственного назначения за исследуемый период времени выявил снижение площади земель в целом по Российской Федерации с 400 млн.га до 381,7 млн. га или на 4,5%. Разработана методика классификации федеральных округов Российской Федерации и субъектов, входящих в их состав, основанная на обобщенной оценке мелиоративного состояния орошаемых и осушаемых земель, расположенных в пределах их территории.

7. Изучены генетические и фенотипические свойства фитопатогенных бактерий группы *Pseudomonas syringae*. Всего в работе было 57 штаммов, выделенных из разных растений в разных зонах РФ. Генетическое разнообразие было изучено методом мультилокусного секвенирования с использованием фрагментов генов *gapdh*, *groD*, *gyrB*, *gltA*. Патогенность штаммов была подтверждена на проростках гороха, сои, подсолнечника, ячменя и пшеницы.

8. Изучена динамика содержания остаточных количеств протиоконазола и проквиназида действующих веществ препарата Талиус Про, КЭ (200 г/л протиоконазола + 50 г/л проквиназида) в зеленой массе, зерне и соломе ярового ячменя при двукратном применении препарата в первой почвенно-климатической зоне РФ в сезоне 2020 года. Подготовлено 2 отчета о валидации аналитических методов определения протиоконазола и проквиназида.

9. Проведена ретроспективная верификация базовых алгоритмов агроклиматических информационно-аналитических модулей рамочного программного обеспечения для модели продукционного процесса яровой твердой пшеницы. Для 3 регионов, наиболее перспективных для ее расширенного распространения в России: Саратовской, Самарской и

Оренбургской областей – создана база регионально координированных агроклиматических данных.

10. Запущен в работу программно-аппаратный комплекс микрометеорологического моделирования на базе программного продукта ENVI-MET и фотограмметрического программного обеспечения Metashape.

11. Определены оптимальные по спектральному составу режимы облучения растений, позволяющие на фоне высокого интеграла суточной радиации обеспечивать нормальное протекание процессов роста, развития и формирования урожая. Исследование фотосинтетической деятельности и изотопного состава углерода донорных и акцепторных органов растений позволило обнаружить разнонаправленные эффекты действия света разных диапазонов фотосинтетически активной радиации на соотношение разных изотопов, а также уровень фотосинтетической и фотодыхательной активности тканей.

12. Установлены оптимальные концентрации препаратов для предпосевной обработки семян, совместимость синтезированных веществ с компонентами в составе защитно-стимулирующих комплексов для пшеницы, ячменя, льна-долгунца, льна масличного, люпина белого, технической конопли, эфиромасличных культур. Разработана методика выделения органических макрокомпонентов из гумифицированных отходов коноплеводства. В результате аналитических исследований подготовлено 2 базы данных по химическому составу волокна льна и технической конопли.

13. Предложен новый метод повышения энергии прорастания и всхожести семян исследуемых сортов квиноа на 6-8 %. Предложен новый метод повышения посевных качеств ярового ячменя пивоваренного направления.

14. Разработаны новые экологически безопасные способы повышения потенциальной продуктивности и устойчивости к действию абиотических и биотических стрессоров картофеля за счет применения биологизированных

приемов управления ростом и развитием растений картофеля и их влияние на величину урожая с учетом применения стимуляторов роста с разным механизмом действия: 24-Epibrassinolide (EBL) и chitosan biopolymer (СНТ).

15. Разработана схема и методика полевого опыта по изучению эффективности различных способов улучшения сенокосов и пастбищ.

ФГБУ НУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии»

1. Проведено выделение ДНК из 50 проб почвы, отобранных осенью 2020 года на опытном поле в Вологде.
2. Заложен лабораторный микровегетационный опыт по исследованию динамики почвенного микробиома в севообороте.
3. Получены опытные образцы биологически активных минеральных удобрений.
4. Получены полногеномные последовательности выборки штаммов-микросимбионтов реликтовых бобовых, представляющих разные таксономические группы. Проведен анализ геномов на наличие генов, ответственных за становление симбиоза и влияющих на его эффективность (*sym* гены, гены продукции фитогормонов и секреторных систем).
5. Проведено предварительное тестирование (экспресс-тесты) перспективных коллекционных и выделенных штаммов ассоциативных ризобактерий по фунгицидной активности.
6. С помощью секвенирования гена 16S рРНК, получены данные о генетическом разнообразии 18 штаммов-микросимбионтов реликтового бобового растения *Gueldenstaedtia monophylla*, выращенного в лабораторных условиях с использованием почвы разного географического происхождения.

7. Заложены вегетационный опыт на *Medicago lupulina* по оценке симбиотической эффективности грибов арбускулярной микоризы, изолированных из естественных экосистем.
8. Заложены модельный эксперимент на эффективной и неэффективной линиях *Medicago lupulina* с инокуляцией грибом *Rhizophagus irregularis*.
9. С помощью метода ко-иммунопреципитации выявлены регуляторы сигнальных путей (специфичные фосфолипаза С и фосфолипаза D), взаимодействующие с гетеротримерным G-белком.
10. Получены генетические конструкции и разработана эффективная методика агробактериальной трансформации растений томата для переноса в них генов регуляторов, контролирующих процесс органогенеза симбиотических клубеньков у бобовых.
11. Выявлены концентрации двух фунгицидов (Титул Дуо и Винтаж), оказывающие влияние на развитие и функционирование симбиотических клубеньков гороха сорта Frisson. Проведена фиксация материала для исследований методами электронной микроскопии.
12. Проведён агрохимический анализ и установлены параметры увлажнения почвы для вегетационного опыта в целях изучения антистрессового эффекта АЦК-утилизирующих и ИУК-продуцирующих ризобактерий на растения томатов в условиях засухи.
13. Заложены опыты с разложением соломы овса и конопляной костры с использованием в качестве иницирующих субстратов двух типов почв, отличающихся целлюлозолитическим потенциалом.
14. Заложены стерильные микровегетационные опыты по оценке симбиотической активности штаммов *Sinorhizobium meliloti* в симбиозе с сортообразцами *Medicago lupulina*.

15. Проведено секвенирование генома дикого бобового растения *Vavilovia formosa* по технологии Oxford Nanopore.
16. Выявлены гены, кодирующие запасные белки, в сборках геномов хозяйственно-значимых растений и определены категории генов, которые могут быть использованы для оценки качества геномных и транскриптомных сборок.

ФГУ ФИЦ «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук»

1. Выполнено секвенирование метагеномов почв, содержащих малоизученные группы микроорганизмов. Осуществлен выбор образца почвы по результатам проведенного анализа состава сообществ по генам 16S рРНК. - выбран один из образцов торфяно-болотных почв. Создана ДНК-библиотека пригодная для секвенирования на платформе Иллюмина.
2. Нарботана опытная партия биофунгицида для лабораторных исследований. Проведено исследование противогрибной и хемосенсибилизирующей активности биомассы по отношению к широкому кругу грибов-фитопатогенов. При совместном применении биофунгицида с азоксистробинном и тебуконазолом выявлен высокий синергетический эффект при минимальных концентрациях коммерческих фунгицидов.
3. Разработаны биотехнологические процессы получения хитозана и его производных для использования в качестве регуляторов роста растений и индукторов устойчивости к фитопатогенам. Получены наночастицы хитозана, содержащие медь, проведено исследование их антимикотической активности. Дана оценка влияния хитозана и его комплексов с ионами меди на метаболическую активность *Botrytis cinerea*.

4. Проведен транскриптомный и протеомный анализ образцов луковых для определения основных факторов, связанных с содержанием и составом первичных и вторичных метаболитов, стрессоустойчивостью. Образцы лука-порея выращены в условиях теплицы в 3 биологических повторах. Определено содержание аскорбиновой кислоты в различных частях растений, собранных по мере роста. В листьях всех анализируемых сортов содержание АК было выше, чем в белой части.
5. Сформулирован перечень основных потенциальных рисков новых организмов растительного происхождения, полученных современными генетическими технологиями. Выполнен анализ методов и моделей безопасного проектирования в нанотехнологиях, фармацевтике и химических отраслях. Определено место концепции безопасного проектирования в сфере генетических технологий, в части растений.
6. Разработана базовая технология управляемой вегетации картофеля (*in vitro* – миниклубни), с вариациями по освещению. Технология позволяет получать миниклубни семенного картофеля на субстратной основе в условиях вертикальной фермы с динамическим освещением 5-6 раз в год в зависимости от цикла вегетации сорта. Выявлен эффект повышения продуктивности сортов на 20-40% в последствии различных режимов освещения на стадии получения исходного семенного материала (*in vitro* растений). Создана *in vitro* коллекция перспективных видов эфиромасличных растений Крыма (2 сорта лаванды, 2 сорта розы, 2 сорта мирта, 1 сорт ладанника) для их последующего ускоренного размножения и введения в сельскохозяйственный оборот. Отработаны базовые элементы технологии воспроизводства стандартных саженцев лаванды товарной формы (согласно ГОСТ 3579-98) в условиях вертикальной фермы для последующей высадки в грунт.

7. Определен наиболее перспективный электропроводящий материал для переработки «проблемных» с/х отходов (свиноводства и птицеводства).
8. Получены результаты лабораторных экспериментальных исследований, которые показали возможность компостирования существующего объема сырья. Биокомпост оказывал стимулирующее действие на рост и развитие редьки посевной (*Raphanus sativus*). Разработан перспективный технологический процесс.
9. Сформирован пул быстрорастущих термотолерантных изолятов метанотрофов рода *Methylococcus*, используемых в технологии производства микробного белка из природного газа; оценка ростовых характеристик и анализ геномных последовательностей изолятов. Получено 5 изолятов быстрорастущих термотолерантных метанотрофов, идентифицированных как представителей вида *Methylococcus capsulatus* и обнаруживающих 99-100% сходства последовательностей гена 16S рРНК с *Methylococcus capsulatus* Bath.
10. Разработана лабораторная технология обработки белковых изолятов из растительного сырья для изменения состава и композиции макро- нутриентов, в первую очередь белково- пептидного профиля. Проведена функциональная паспортизация штаммов стартерных и пробиотических культур.
11. Разработаны методы введения фитовирусных векторов в клетки растений с помощью вакуумной инфльтрации. Подобраны условия для эффективной трансформации растительных клеток. В ходе выполнения экспериментов по экспрессии рекомбинантных векторов, кодирующих антигены коронавируса SARS-Cov2 (изолят Wuhan-Hu-1), были получены суммарные белковые препараты из зон агроинфльтрации растений для дальнейшего анализа эффективности продукции рекомбинантных белков в растениях.

12. Получены чистые культуры 32 штаммов лактофагов, ставших причиной производственных лизисов на российских предприятиях молочной промышленности. Исследован препарат с биологической активностью против *A. hydrophila*, полученный из накопительной культуры для выделения бактериофагов. Показано, что его литическая активность обусловлена присутствием не бактериофага, а бактериоцина R-типа.
13. Получены и охарактеризованы конъюгаты специфических антител с наноразмерными маркерами разной природы (наночастицы золота, магнитные наночастицы, латексные наночастицы, нанозимы на основе платины). Определены оптимальные условия формирования комплексов вирусных (вирус шарки сливы) и бактериальных (*Erwinia amylovora*) патогенов со специфическими антителами на поверхности наноразмерных маркеров разной природы, определены оптимальные условия взаимодействий в равновесном и проточном режимах.
14. Проведена расшифровка и сборка геномов двух штаммов дрожжей используемых в отечественном виноделии из коллекции КМВ Магарач.
15. Подготовлено 73 библиотеки кДНК образцов винограда, отобранных в коллекциях Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства и Дагестанской опытной станции ВИР. Измерена концентрация и проведена проверка качества полученных библиотек.

ФГУ ФИЦ «Информатика и управление» Российской академии наук»

1. Исследованы и разработаны технические решения построения Цифровой платформы для управления АПК России (ЦПУ АПК) в части автоматизации процессов планирования и мониторинга исполнения планов участников производства и реализации продукции АПК, спроектирована архитектура ЦПУ АПК.
2. Разработан перечень моделей и методов создания высокоточных мультитременных, мультиспектральных и мультимасштабных покрытий территорий на основе комплексирования снимков, а также комплексирования данных дистанционного зондирования земли (ДЗЗ) различных спектральных диапазонов для обнаружения и идентификации состояния объектов местности с использованием экспертных систем, а также требования к ним (выбор очередности и реализация первой очереди моделей и методов).
3. Разработан перечень моделей и методов модели и методы, на основе которых осуществляется анализ больших коллекций научно-исследовательских документов (десятки миллионов полнотекстовых документов из различных источников с масштабированием на массивы из сотен миллионов документов на русском, английском языках, немецком и китайском языках).

ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный университет»

1. Проведены исследования агрохимических свойств и таксономического состава микробиома почв залежных агроэкосистем центральной части Ямало-Ненецкого АО. Выявлены тренды трансформации параметров плодородия почв и метаболических показателей микробного сообщества на разных стадиях пребывания почв в залежах.

2. В рамках изучения механизмов регуляции стволовых клеток растений и развития меристем были получены данные о функции генов системы *WOX-CLAVATA* в регенерации растений, развитии запасющих органов (корнеплодов редиса, клубней картофеля) и симбиотических клубеньков у бобовых. Показано, что индуцируемое цитокинином утолщение гипокотилей проростков редиса (формирование корнеплодных структур *in vitro*) зависит от содержания азота в среде и подавляется при снижении его количества. Выявлена устойчивость растений картофеля со сверхэкспрессией *CLE8* к высоким температурам. Получены растения картофеля со сверхэкспрессией гена *CLE4* и его антагониста. Обнаружено, что сверхэкспрессия гена *MtCLE16* подавляет способность каллусов люцерны к соматическому эмбриогенезу.

3. В рамках изучения горизонтального переноса генов от агробактерий к растениям были описаны новые природно-трансгенные виды среди представителей рода *Vaccinium*. В геномах *V. corymbosum*, *V. myrtillus*, *V. uliginosum* описаны полноразмерные последовательности *rolB|C*-подобного гена с интактными ORF.

4. В рамках идентификация и картирования генов метаболизма флавоноидов у ржи проанализированы 4 транскриптома перикарпа и алейрона окрашенных (1 линия интенсивно окрашенное фиолетовое зерно, слабо окрашенное фиолетовое зерно) и 2 неокрашенных линий ржи. Идентифицированы транскрипты, соответствующие структурным генам синтеза флавоноидов (ранним и поздним этапам), большое количество генов ферментов поздних этапов синтеза антоцианов, присоединяющих остатки сахаров и другие молекулы к антоцианидинам (гликозил-, малонилтрансферазы и др.), а также, регуляторных генов синтеза флавоноидов и антоцианов, содержащих домены, соответствующие транскрипционным факторам MYB (домен R2R3-MYB) и MYC (bHLH-MYC_N и HLH домены). Для части из генов (*CHS*, *F3H*, *DFR*, *ANS*, *Myc2R*) правильность сборки подтверждена сравнением их кодирующих частей с сиквенсами, полученным секвенированием по Сэнгеру. Определена локализация кодирующих перечисленные транскрипты генов на

физических картах ржи (Rabanus-Wallace, M.T., Hackauf, B., Mascher, M. et al. Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution and agronomic potential. Nat Genet (2021). <https://doi.org/10.1038/s41588-021-00807-0>), что позволяет предположить гены-кандидаты для мутаций безантоциановости ржи.

5. В рамках проекта «Баркодирование и описание новых таксонов клещей с экономически значимых и эндемичных групп растений» проведено экстрагирование ДНК из спиртовых образцов. Получены три важных результата: 1) выделение ДНК из галловых клещей должно проводиться деструктивными методами с разрушением хитинового экзоскелета галловых клещей, 2) механизация процесса деструкции экзоскелета клещей возможна при помощи новейших устройств-гомогенизаторов с применением специализированного пластика и цирконовых или керамических шариков диаметром 1.4 мм, 3) в последовательностях наиболее подходящего для баркодирования клещей митохондриального гена *Cox1* выявлены точечные мутации, затрагивающие сайты отжига классических баркодинговых праймеров. Получены баркоды клещей-вредителей наиболее массовых древесных пород парковых и рекреационных зон Санкт-Петербурга и Ленинградской области, а также клещей с эндемичных крымских растений, включая редкие луковичные и злаковые. Выявлены новые случаи заноса галловых клещей с интродуцированными хвойными из Азии и Северной Америки на территорию РФ.

6. В рамках получения данных о составе микробных сообществ различных видов дождевых червей, обитающих в компостах на этапе 1-го квартала 2021 года установлены стабильные лабораторные культуры трех видов дождевых червей, адаптированных для компостирования разных видов пищевых источников. Выделена тотальная ДНК содержимого кишечника, а также ДНК пустых кишечника двух видов компостных червей для получения данных о транзитных (факультативных) и облигатных группах бактерий кишечника.

7. Выделена ДНК из различных отделов кишечника двух видов дождевых червей для проведения дифференцированного сравнительного анализа микробного состава этих отделов кишки. Выделена ДНК копролитов двух видов компостных червей. Выделена ДНК из субстрата, который является средой обитания и пищей компостных червей.

8. Проведен анализ физиологических параметров ответа растений гороха на стресс и была, тем самым, показана успешность модели. Получены семена растений подвергнутых и не подвергнутых действию засухи, а также выделены метаболиты из них.

9. В рамках получения организмов – продуцентов белков иммуномодуляторов животных проведен метаболомный анализ исходных и трансгенных растений табака *Nicotiana tabacum*, синтезирующих бычий гамма-интерферон. Трансгенные растения характеризовались более высоким уровнем аминокислот и других соединений, участвующих в азотном метаболизме. У трансгенных растений обнаружена интенсификация вторичного метаболизма. Применение съедобных растений в качестве продуцентов белков птиц и млекопитающих позволяет не только получать рекомбинантные белки, пригодные для ветеринарной медицины, но и использовать организмы-продуценты в качестве иммунопробиотической кормовой добавки. Полученные плазмиды использовали для агробактериальной трансформации листовых дисков люцерны с помощью *Agrobacterium tumefaciens* штамма AGL1. Получены каллусы трансгенной люцерны с нативным и укороченным куриным гамма-интерфероном, из которых начинают регенерировать растения. Трансгенная люцерна, куриный синтезирующая гамма-интерферон, получена впервые.

10. Получены комплексные данные о транскрипции генов у *P. pastoris* в зависимости от сочетания компонентов среды - источников азота и углерода. Для этого использовали методы секвенирования нового поколения, позволяющие изучать

экспрессию генов на уровне транскриптома. В результате анализа среди 4896 генов, активных в изучаемых условиях, выявили более тысячи генов, экспрессия которых различается при использовании разных источников азота.

ФГБ НУ ФИЦ «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова».

1. Реализовывался проект по Созданию идентифицированного генофонда и платформы для геномной селекции». Сформированы дополнительные выборки перспективных образцов овса, пшеницы и ячменя – около 200 образцов каждая для высева в полях г. Пушкина (Санкт-Петербург). Выборка пшеницы фенотипирована, из 186 образцов выделена ДНК, полученные данные SNP-анализа обработаны с использованием программы TASSEL с целью выбраковки маркеров с неполными данными или с низким уровнем полиморфизма (вплоть до мономорфных). В результате для дальнейшего проведения GWAS анализа из 17268 маркеров, оставлено 12500, соответствующих необходимым критериям. Выборка овса для GWAS анализа представлена современными высокопродуктивными пленчатыми и голозерными сортами и адаптивными староместными образцами (сборами 1920-1930-х годов) российской и зарубежной селекции. Выполнена постановка метода определения β -глюканов в зерне овса «Гравиметрический метод количественного определения растворимых бета-глюканов», запланирован биохимический анализ образцов выборки овса на содержание β -глюканов, а также белка, крахмала и масла. Сформирована и подготовлена к посеву выборка ячменя в составе 100 образцов пленчатого и 100 образцов голозерного ячменя, которые представлены местными,

староместными и современными сортами из различных регионов, контрастными по нескольким группам хозяйственно ценных признаков.

2. Выполнялся проект по Созданию конвейеров сортов бобовых культур с заданными свойствами. Отобраны образцы гороха овощного, превосходящие существующие по продуктивности, технологичности уборки, урожайности, высокой пищевой ценности с разными морфотипами листа и стебля. Осуществлена постановка эксперимента с использованием инокулята азотфиксирующих бактерий для оценки их влияния на биохимические показатели продукта. Отобраны по результатам проведенных исследований потенциальные исходные формы – источники ценных признаков для создания сортов овощного гороха нового поколения. Структурирована выборка овощной вигны для дальнейшего фено- и генотипирования на основе систематизации имеющихся данных о коллекциях вигны спаржевой ВИР. Сформирована выборка из 20 образцов разного происхождения для углубленного исследования в Астраханской обл. на АОС ВИР. Подобраны лучшие сорта, выделяющиеся по продуктивности и качеству бобов, устойчивости к биотическим и абиотическим факторам, пригодные к механизированному возделыванию. В геноме коровьего гороха *V. unguiculata* (L.) Walp. проведен поиск гомологичных последовательностей основных генов фотопериодической чувствительности E1 (GenBank: AT2G33720) и E2 (GenBank: AT1G22770) с использованием алгоритма BLASTN в базах данных геномных последовательностей Phytozome v12.1 (<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html#!search?show=BLAST>), LIS – Legume Information System (<https://legumeinfo.org/blast>). Кроме этого в геноме коровьего гороха был проведен поиск гомологичных последовательностей генов арабидопсиса TFL1 (GenBank: AT5G03840). В геноме вигны было идентифицировано по 2 последовательности E2 и TFL1 генов, копий гена E1 не обнаружено. Экзон-интронная структура обнаруженных TFL1-

подобных генов следующая: гены состоят из 4 экзонов и 3 интронов. Гены E2 состоят из 15 экзонов и 14 интронов, ген E1 – из 2 экзонов и 1 интрона.

Сведения о научных мероприятиях (конференции, мастер-классы и другие мероприятия) центра.

15 марта 2021 года в 11.00 состоялись Восемнадцатые Шорыгинские хитиновые чтения в ФИЦ Биотехнологии РАН (Москва, ИНМИ, проспект 60-летия Октября, д.7, корп.2, 1 этаж, конференц-зал). Число участников – 50 человек. Отчёт по Шорыгинским чтениям размещен по адресу: <https://www.fbras.ru/klik-reaktsii-umnyie-pishhevyie-upakovki-i-stihi-xviii-shoryiginskie-chteniya.html>

Сведения о разработке и внедрении образовательных (исследовательских) программ центром.

В соответствии с приказом ректора ФГБУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» от 10 марта 2021 года № 107 В 1-м квартале 2021 года начата реализация следующих образовательных программ центра:

«Роботизированные системы в сельском хозяйстве» с 24 марта 2021 г. по 26 апреля 2021 г.

«Методы оценки рисков, реализуемости и эффективности проектов развития инновационных отраслей АПК» с 18 марта 2021 г. по 24 апреля 2021 г.

В соответствии с Распоряжением Проректора по науке ФГБУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева») от 19 марта 2021 г. № 17 в 1-м квартале 2021 года начата реализация исследовательской программы центра:

«Организация фотобиологических исследований на базе полифункциональной платформы по высокопроизводительному фенотипированию растений» с 22.03.2021г. по 15.10.2021г.

Информация о научных достижениях центра ориентированных на мировой уровень

Впервые в России на основе использования молекулярно-генетических методов анализа созданы образцы лука репчатого с устойчивостью к распространенному заболеванию – пероноспорозу.

Созданы не имеющие аналогов в мире образцы и гибридные комбинации капусты белокочанной, содержащие один и более генов устойчивости к распространенным заболеваниям. Созданные образцы послужат основой для селекции первых отечественных высокотехнологичных гибридов капусты белокочанной с групповой устойчивостью к фузариозному увяданию и гибридов лука репчатого с генетической устойчивостью к пероноспорозу.

Получена высококачественная сборка генома гороха посевного с использованием комбинирования данных секвенирования второго и третьего поколения. Созданная сборка генома гороха сорта Frisson **является лучшей в мире к настоящему моменту:** она состоит из 2,5 тысяч фрагментов, причём половина всех собранных фрагментов имеет длину более 5 млн. нуклеотидов при общей длине генома около 3,7 млрд. нуклеотидов. Полученная последовательность генома гороха необходима для успешного проведения геномного редактирования, поиска маркеров

сельскохозяйственно-ценных признаков, а также поиска в геномах диких разновидностей гороха уникальных генов (например, генов устойчивости к патогенам), отсутствующих у современных культурных сортов.

Используя молекулярно-генетические подходы разработаны новые методики идентификации фитопаразитических клещей, **получены новейшие данные** по биологии клещей-фитопаразитов и впервые показана эффективность обработки акарицидами в отношении галловых клещей в период их массовой миграции. Согласование периодов акарицидной обработки с узловыми этапами жизненных циклов клещей, таким образом, существенно повышает эффективность защитных мер и может быть рекомендовано к внедрению в широких масштабах. В дополнении к поставленным на первый квартал задачам в сотрудничестве с зарубежными коллегами начата работа по созданию **уникальной мировой базы данных по галловым клещам**. Обобщены данные по таксономии галловых клещей, составлены библиографические ссылки, составлена сеть связей для создания многоуровневой базы данных, начата разработка структуры и интерфейса базы данных для представления в интернете.

Создана опытно-промышленная установка - вертикальная ферма с динамическим LED-освещением, которая **позволяет добиваться в год до 6 урожаев** безвирусного семенного материала картофеля. Разработанная технология управляемой вегетации позволяет выращивать растения с заданными качественными характеристиками за счет раскрытия природного потенциала сортов. Данная технология позволяет решать задачи ускоренного воспроизводства и иных востребованных сельскохозяйственных культур – зеленых, эфиромасличных, лекарственных и т.д., обеспечивая при этом гарантированные качественные стандарты получаемой продукции. Уникальная технология уже на пилотном этапе является **крайне востребованной**. На сегодняшний день идут совместные прикладные исследования с такими крупными компаниями, как ООО «Лэм Уэстон Белая Дача», ООО «Мелагро» и ООО «Фрито Лей Мануфактуринг».

