



DOI 10.21178/2079-6080.2019.4.57
УДК 606

Современные геномные технологии в фундаментальных и прикладных исследованиях видов рода *Populus* L.

© М.В. Лебедева, В.В. Таранов

Current genomic technologies in the basic and applied research of *Populus* species

M.V. Lebedeva, V.V. Taranov (All-Russia Research Institute of Agricultural Biotechnology)

Populus species have a great economic importance and are cultivated worldwide due to fast growth, resistance to adverse environment and amenability to vegetative propagation. In addition, poplars are a model species in the studies of woody plant genetic and physiology.

By this moment genomes of some species and hybrids – *P. trichocarpa*, *P. euphratica*, *P. nigra*, *P. alba*, *P. tremula*, *P. tremula* × *P. alba* – are sequenced with different whole-genome sequencing technologies, and the genomic structures were compared. The availability of the genome sequence data significantly facilitated the usage of high-throughput genotyping methods, for example RADseq, which allow you to identify the large number of polymorphisms, generally single-nucleotide substitutions, and to develop high-density linkage maps. Using high-density linkage maps, the effective search of loci associated with valuable features – growth speed, biomass, phenology traits and others using the QTL (Quantitative Trait Loci) and GWAS (Genome-Wide Association Study) analyses.

Identification of genes that determine valuable features opens the way to the guided modification of poplar genome using the modern genome-editing technologies. CRISPR/Cas9 technology was used to edit genomes of few poplar species and showed high effectiveness in targeted inactivation of genes.

In this review, current genomic technologies used for poplar investigation are described. The considered approaches promote the production of new basic knowledge and the breeding of poplar, which is crucial for wood species.

Key words: *Populus*, WGS, QTL, GWAS, CRISPR, genome editing

Современные геномные технологии в фундаментальных и прикладных исследованиях видов рода *Populus* L.

М.В. Лебедева, В.В. Таранов

Виды рода *Populus* имеют важное хозяйственное значение и широко используются в плантационном лесовыращивании по всему миру благодаря быстрому росту, устойчивости к неблагоприятным условиям и способности к эффективному вегетативному размножению. Кроме того, тополя являются модельным объектом для изучения генетики и физиологии древесных растений.

К настоящему времени с применением различных технологий полногеномного секвенирования определены нуклеотидные последовательности геномов нескольких видов и гибридов – *P. trichocarpa*, *P. euphratica*, *P. nigra*, *P. alba*, *P. tremula*, *P. tremula* × *P. alba*, что позволило проводить сравнительное изучение структуры геномов тополей разных видов. Наличие полной последовательности генома существенно облегчило применение методов высокопроизводительного генотипирования, например, RADseq, которые позволяют выявить большое количество полиморфизмов, обычно однонуклеотидных замен, и строить генетические карты высокой плотности. С использованием генетических карт высокой плотности возможен эффективный поиск локусов, связанных с хозяйственно ценными признаками – скоростью роста, запасом биомассы, фенологическими признаками с применением QTL (Quantitative Trait Loci) и GWAS (Genome-Wide Association Study) анализов.

Выявление генов, влияющих на хозяйственно ценные признаки, открывает перспективы для направленной модификации генома тополей с использованием современных технологий геномного редактирования. Технология CRISPR/Cas9 была применена для редактирования геномов нескольких видов тополей и продемонстрировала высокую эффективность для направленной инактивации целевых генов.

Рассмотренные подходы способствуют как получению новых фундаментальных знаний, так и ускорению селекции тополей, что для древесной породы является очень актуальным.

Ключевые слова: *Populus*, WGS, QTL, GWAS, CRISPR, genome editing

Лебедева Марина Валерьевна – науч. сотр. лаборатории стрессоустойчивости растений

E-mail: marilistik@mail.ru

Таранов Василий Васильевич – канд. биол. наук, заведующий лабораторией стрессоустойчивости растений

E-mail: v.taranov1@gmail.com

ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии

127550 г. Москва, ул. Тимирязевская, 42

Телефон: +7 (499) 976-65-44