

Учёные впервые прочитали геном пихты

Учёными впервые прочитан геном пихты — в исследовательскую группу вошёл профессор СФУ Константин Крутовский.



Пихта обыкновенная (*Abies alba* Mill.) — наиболее распространённое хвойное дерево в европейских высокогорных экосистемах, имеющая большое экологическое и хозяйственное значение. В недалёком прошлом естественные пихтовые леса неоднократно испытывали негативное влияние из-за изменений в землепользовании, а в настоящее время страдают из-за глобального изменения климата. Для прогнозирования распространения и выживания этого дерева в меняющихся климатических условиях международный коллектив исследователей из более чем десяти ведущих европейских стран впервые полностью прочитал (отсеквенировал) геном пихты и опубликовал полученные данные в престижном журнале американского генетического общества [«G3: Genes, Genomes, Genetics»](#).

Уникальность проекта состоит ещё и в том, что подобное исследование впервые проведено на «краудфандинговой» основе — средства были предоставлены членами консорциума, международной сети, по изучению геномики альпийских лесов (Alpine Forest Genomics Network или AForGeN).

По словам участника проекта, члена консорциума и соавтора статьи, профессора Гёттинггенского университета (Германия) и Техасского АМ университета (США), ведущего научного сотрудника Института общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, руководителя лаборатории лесной геномики и НОЦ геномных исследований Сибирского федерального университета **Константина Крутовского**, это значительное достижение, учитывая гигантский размер генома хвойных (к которым, кроме пихты, относятся также сосна, ель, дугласия, тсуга и лиственница), в 4–9 раз превышающий размер генома человека.



«В настоящее время в мире удалось секвенировать только 7 видов хвойных, включая единственный вид лиственницы, просеквенированный и аннотированный в лаборатории лесной геномики Сибирского федерального университета. В целом, в полученном ядерном геноме пихты было функционально аннотировано 50 757 полноразмерных генов», — сообщил Крутовский.

По словам учёного, полученные данные заложили основы для изучения генетических механизмов, благодаря которым пихта может адаптироваться к изменениям окружающей среды, особенно к экстремальным явлениям — засухам, пожарам, инвазиям вредоносных грибов и насекомых.

«Эта первая геномная сборка пихты — важный ресурс, который полностью общедоступен и, надеюсь, далее будет исследоваться более глубоко. Благодаря прочтению и сборке генома этого дерева мы сможем также разработать

*полногеномные молекулярно-генетические ДНК-маркёры для геномной селекции и более эффективного генетического мониторинга европейских пихтовых лесов. Полученные данные можно использовать для изучения генов, связанных с ценными селекционными и адаптивными признаками, например, связанных с ростом и качеством древесины, устойчивостью к засухе, вредителям, заболеваниям, и т. д.), а также для разработки систем геномного редактирования», — резюмировал **Константин Крутовский**.*

[Пресс-служба СФУ](#), 7 августа 2019 г.

© Сибирский федеральный университет. Редакция сайта: +7 (391) 246-98-60, info@sfu-kras.ru.

Адрес страницы: <https://news.sfu-kras.ru/node/22025>