vinetur

# Исследование 206 клонов Рислинга показало: эпигеномные данные лучше объясняют межгодовые изменения

За девять сезонов геномные и эпигеномные профили выявили разные составляющие продуктивности виноградников; работа еще не прошла рецензирование

суббота, 7 ноября 2026 г.



Исследователи, изучавшие виноград Рислинг, обнаружили свидетельства того, что генетические и эпигенетические данные позволяют описать разные стороны межгодовых изменений продуктивности виноградников. В перспективе это может помочь селекционерам и виноградарям выбирать клоны, которые стабильнее показывают себя в меняющихся условиях.

Работа опубликована в препринте, размещенном в пятницу, 6 ноября, на bioRxiv, и еще не прошла рецензирование. Исследование провели ученые Университета Хохшуле Гайзенхайм в Германии совместно с коллегами из Австралии и Университета Хоэнхайма.

Исследователи проанализировали 206 клонов Рислинга за девять вегетационных сезонов и изучили характеристики, связанные как с урожайностью, так и с качеством сока. Они сосредоточились на взаимодействии генотипа и среды — давно известной проблеме для многолетних культур, в том числе винограда. На практике это означает, что клон, хорошо показавший себя в один год, может занять другое место в рейтинге в следующем сезоне из-за изменений погоды и других условий окружающей среды.

Команда использовала метод UMR-seq, который позволил получить парные геномные и эпигеномные профили из одной и той же библиотеки образцов. Геномные данные отражали различия в последовательности ДНК, в том числе SNP. Эпигеномные данные были сосредоточены на неметилированных участках — сигнале метилирования ДНК, который может указывать на изменения в регуляции генов без изменения самого генетического кода.

Используя эти парные наборы данных, исследователи оценили, насколько каждый из уровней информации объясняет различия между клонами и различия в их реакции от года к году. Согласно препринту, когда статистические модели не учитывали взаимодействие генотипа и среды напрямую, наибольшую долю вариации изученных характеристик составляли влияние среды и остаточные эффекты, тогда как основной эффект клона был сравнительно невелик. В таких моделях геномное родство объясняло большую часть клональной вариации по четырем из пяти изученных характеристик, а добавление матрицы эпигеномного родства практически ничего не меняло.

Картина изменилась, когда исследователи стали напрямую моделировать специфичные для каждого года эффекты взаимодействия. В этих расчетах эпигеномный уровень объяснял существенную долю вариации, обусловленной взаимодействием генотипа и среды, и вносил больший вклад, чем геномный, по четырем из пяти характеристик, пишут авторы. Это позволяет предположить, что эпигеном может быть особенно важен для понимания того, почему один и тот же клон ведет себя по-разному в разные сезоны.

Исследование также показало, что два уровня данных не просто измеряли одно и то же разными способами. Авторы сообщили, что геномное и эпигеномное родство выявляли разные закономерности изменения ранжирования клонов по годам: каждый из этих показателей отражал отдельные сдвиги в относительной продуктивности при смене условий от сезона к сезону. Когда команда соотнесла наиболее выраженные расчетные эффекты с участками генома, оказалось, что самые сильные геномные и эпигеномные сигналы, как правило, приходились на разные участки, а степень их пересечения не превышала случайно ожидаемую.

Результаты не доказывают, что одни только эпигенетические маркеры позволяют прогнозировать стабильную продуктивность виноградников, и в препринте не предлагается готовый инструмент для отбора клонов. Тем не менее полученные данные указывают на возможный способ усовершенствовать селекцию вегетативно размножаемых культур — сочетать традиционную геномную информацию с эпигеномными данными, особенно если межгодовая изменчивость имеет большое значение.

Это важно не только для теории селекции растений. В виноделии колебания условий от сезона к сезону могут влиять и на урожайность винограда, и на состав сусла, а значит — на предложение и качество продукции. Если дальнейшие исследования подтвердят, что эпигеномные данные помогают выявлять клоны с более стабильными результатами в меняющихся условиях, селекционеры и питомники со временем смогут использовать эту информацию при выборе клонов для виноградников, сталкивающихся с нестабильной погодой. Пока такое применение остается предположительным и требует проверки за рамками этого препринта.

В статье полученные результаты рассматриваются в более широком контексте селекции многолетних культур. Поскольку виноград размножают клонально, а растения остаются в поле много лет, решения о выборе материала обходятся дорого, и изменить их быстро сложно. Клон, перспективный в краткосрочном испытании, может не давать таких же результатов в течение длительного времени, если его продуктивность сильно зависит от ежегодных условий. Поэтому понимание факторов, определяющих стабильность из года в год, — одна из центральных задач виноградарства и селекции винограда.

По словам авторов, результаты создают основу для изучения молекулярных механизмов взаимодействия генотипа и среды и для проверки того, могут ли геномные и эпигеномные данные улучшить отбор клонов для изменчивых условий. Исследование не дает ответа на вопрос, насколько долго сохраняются эпигеномные сигналы и насколько широко выводы применимы за пределами Рислинга, одного участка или изученных характеристик. Открытым остается и вопрос о том, проявятся ли сходные закономерности у других сортов винограда

или других многолетних культур.

Тем не менее работа дополняет растущий интерес к тому, может ли эпигенетическая изменчивость помочь объяснить сельскохозяйственные характеристики, которые не удается полностью описать с помощью стандартных генетических маркеров. В данном случае главный вывод препринта состоит не в том, что эпигеномика заменила геномику, а в том, что они, по-видимому, описывают разные составляющие продуктивности. Геномное родство оказалось информативнее для оценки основных клональных эффектов по большинству характеристик, тогда как эпигеномное — для значительной части межгодовых взаимодействий.

Поскольку статья пока остается препринтом, ее методы и интерпретация еще не прошли проверку в ходе рецензирования. Тем не менее для исследования клонов винограда использован необычно широкий набор данных: 206 клонов Рислинга за девять сезонов. Работа дает первое представление о том, как парные геномные и эпигеномные измерения могут применяться для изучения нестабильности производства винограда с течением времени.