

## ИТОГИ 10-го МЕЖДУНАРОДНОГО СИМПОЗИУМА ПО ГЕНЕТИКЕ ПШЕНИЦЫ

**Т.А. Пшеничникова**

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск

e-mail: wheat@bionet.nsc.ru

В сентябре 2003 г. в г. Паэстум, Италия, состоялся очередной, десятый, Международный симпозиум по генетике пшеницы. Подобные симпозиумы, собирающиеся один раз в пять лет, являются главным событием для генетиков и молекулярных биологов всего мира, занимающихся изучением геномов злаковых. На них обсуждаются главные достижения в этой области генетики растений и намечаются основные направления исследований на будущие пять лет. Здесь же организуются и более мелкие частные семинары и сессии, решающие текущие вопросы генетических исследований важнейшей продовольственной культуры и ее сородичей. На симпозиумах определяются лидирующие исследовательские коллективы, которые в данный момент времени в большой степени задают «моду» на отдельные научные тематики и направления. 10-й симпозиум посетили более 500 ученых, на нем было представлено 100 устных и более 300 стендовых докладов по следующим темам: «Эволюция и генетическое разнообразие», «Цитогенетика и оценка генетических коллекций», «Классическая и молекулярная селекция», «Трансгенез», «Структурная и функциональная геномика», «Биотические и абиотические стрессы» и «Качество зерна». По результатам работы симпозиума издан трехтомный сборник трудов. Общей тенденцией современных исследований является работа больших интернациональных коллективов, живое регулярное общение исследователей, постоянный обмен информацией и генетическим материалом. Это, а также быстрое проникновение в генетику растений современных молекулярно-генетических технологий позволяет получать новые фундаментальные знания о строении одного из самых сложных геномов, немедленно переводить их в практическую плоскость и применять в исследованиях селекци-

онного характера. В одном сообщении невозможно рассказать обо всех докладах, поэтому попытаюсь рассказать о наиболее, с моей точки зрения, интересных и важных.

На секции «Эволюция и генетическое разнообразие» было представлено 12 докладов, наиболее значительным из которых был доклад М. Фельдмана из Израиля, известного эволюциониста, «патриарха» симпозиумов, посетившего 8 из 10 состоявшихся. Его доклад «Ускорение геномной эволюции через аллополиплоидию: пшеница как модель» являлся обобщением его многолетних исследований путей эволюции геномов злаков. Полиплоидия как способ эволюции свойственна только растениям и сопровождается революционными и эволюционными событиями. Революционные события – это быстрая элиминация кодирующих и некодирующих последовательностей ДНК, эпигенетические изменения, связанные с метилированием ДНК и геномным сайленсингом, активация генов и ретроэлементов. После них следуют эволюционные преобразования: горизонтальный межгеномный перенос хромосомных сегментов, появление рекомбинантных геномов путем гибридизации и интрогрессии между аллополиплоидами или другими видами, мутации. Все это повышает генетическое разнообразие, дает богатый материал для отбора более приспособленных форм. На секции были также представлены сообщения, посвященные микроэволюционным процессам, протекающим при одомашнивании отдельных видов злаков.

На секции «Цитогенетика и оценка генетических коллекций» было сделано 13 докладов, из которых наиболее впечатляющим оказался доклад большого французско-чешского коллектива «Развитие проточной цитогенетики для картирования генома пшеницы». В нем показаны возможности использования метода проточной цитомет-

рии для анализа и сортировки хромосом и их плеч у мягкой пшеницы. Работа представляет собой большой методический успех, так как до последнего времени сортировать хромосомы этого вида было невозможно из-за их большого числа и малых отличий. Теперь стало возможным отбирать конкретные хромосомы для получения высококачественного FISH-окрашивания с последующим 100-кратным растягиванием хромосом для изучения их структуры. Становится более эффективным физическое картирование хромосом с помощью метода ПЦР. Наконец, получены субгеномные ВАС-библиотеки (ВАС-libraries), специфические ВАС-библиотеки для отдельных хромосом и даже для плеча хромосомы. В то же время результаты работы с генетическими коллекциями были представлены слабо.

На секции «Классическая и молекулярная селекция» было представлено 11 докладов. Эта секция так же, как на предыдущем симпозиуме в Канаде, посвящена поиску и опробованию надежности различных молекулярных маркеров, с тем чтобы ускорить процесс селекции, сократить объем выборок, сделать отбор по конкретным признакам более успешным. Образцом такой работы можно назвать доклад исследователей из Австралии. Им удалось на популяциях рекомбинантных линий пшеницы выделить молекулярные маркеры устойчивости к прорастанию зерна на корню и к вирусному заболеванию желтой карликовости ячменя. Вообще стратегия отбора с помощью молекулярных маркеров (MAS) в той или иной степени присутствовала во всех докладах этой секции. Этот отбор желателен и необходим, когда отбор по фенотипу дорог, трудоемок, неточен, вызывает гибель растения или недостаточно зерна, например, для изучения его качества. У этого метода есть свои ограничения, но есть и примеры эффективного применения. Это уже не исследовательский инструмент, а составная часть селекционного процесса. Соавторы таких работ – специалисты в области молекулярной геномики, а также генетики и селекционеры.

Секция «Трансгенез» была самой немногочисленной (7 докладов), что отражает общие для всех трудности работы по трансформации пшеницы. Доклады были посвящены в основном методическим вопросам

переноса генов, определяющих время колошения, устойчивость к гербицидам и засухе.

Наиболее впечатляющей по числу – 26 – и содержанию докладов была секция «Структурная и функциональная геномика». Представленные на ней данные являются результатом использования самых новых и совершенных молекулярно-генетических технологий в исследованиях генома злаков. Сразу несколько докладов были посвящены молекулярным генетическим картам мягкой пшеницы, как ее собственным, так и сравнительным. Так, Р. Эйпелз представлял международный совместный проект по созданию консенсусной молекулярно-генетической карты пшеницы, который объединил данные изучения 12 различных гибридных комбинаций из разных стран мира. Сейчас на каждую хромосому этой карты нанесено в среднем по 200 маркеров, она выставлена в Интернете на сайте GrainGenes. Несомненно, достичь этого удалось только благодаря тесному международному сотрудничеству, подкрепленному солидной финансовой поддержкой как государств-участниц проекта, так и отдельных частных корпораций. Также интенсивно создаются протеомная и транскриптомная карты пшеницы. Большим успехом следует считать идентификацию генов последовательностей – кандидатов на роль такого известного и важного гена, как *Vrn-1*, который, вероятно, уже в ближайшее время может быть клонирован.

Доклады объединенной в этот раз секции «Биотические и абиотические стрессы» были также в основном связаны с поиском молекулярных маркеров устойчивости к заболеваниям и другим факторам среды, их использованием при отборе. Большой и содержательный доклад, посвященный картированию локусов агрономически важных количественных признаков (QTL), был представлен А. Бернером из Германии. В этой работе были использованы рекомбинантные инбредные линии популяции ITMI (International Triticeae Mapping Initiative), созданной около 10 лет назад специально для картирования генома мягкой пшеницы. К сегодняшнему дню для нее выделено около 800 маркеров RFLP и 600 микросателлитов, что позволило успешно картировать локусы, определяющие устойчивость к засухе

и септориозу. Запомнилась совместная франко-германская работа по выделению гена устойчивости к бурой ржавчине *Lr10*. Для этого вначале была выделена и секвенирована ортологичная последовательность у *T. monosocum*, а затем найдены аналоги этих последовательностей у мягкой пшеницы, которые косегрегировали в F<sub>2</sub> вместе с геном *Lr10*. Таким образом, уже возможно клонирование генов агрономической важности. Много докладов было посвящено механизмам защитного ответа после проникновения патогена. Американскими учеными был охарактеризован транскриптом пшеницы после развития защитной реакции при поражении грибами и шведской мухой. Для этого была разработана специальная технология GeneCalling, которая не требует знания последовательностей генов. В результате были определены последовательности около 5 тысяч экспрессирующихся кДНК, из которых более 3000 были уже известны ранее, а около 400 оказались новыми. К сожалению, практически отсутствовали сообщения по абиотическим стрессам.

На традиционной для симпозиума секции «Качество зерна» было сделано 11 докладов. Ограниченная тематика, в основном связанная с ролью тех или иных запасных белков зерновки в определении качества различных видов пшеницы, свидетельствует об определенном идейном кризисе в этой области генетики пшеницы.

Безусловно, успехи мирового сообщества ученых в изучении одного из самых сложных геномов растений очень велики. Однако от данного симпозиума, по моему мнению, осталось впечатление, что на второй план отступило изучение растения как целого организма и его взаимодействия с окружающей средой. Недаром А. Бернер (Германия), завершая свое выступление, представил (видимо, в виде шутки) схему перехода к новому разделу генетики пшеницы – «феномике» (от геномики, протеомики и транскриптомики). И действительно, зачастую фенотип растения оставался за рамками докладов, в которых представлялись

великолепные цитогенетические иллюстрации его хромосом.

На симпозиуме была представлена новая версия Каталога генных символов пшеницы. Его объем очень возрос и поэтому он существует в электронной форме как на компакт-диске, так и на сайте GrainGenes в рамках японского электронного проекта National BioResource Project-KOMUGI.

Безусловно, «законодателями мод» в современных исследованиях злаков остаются американские исследователи. Однако на этом симпозиуме прекрасно выступили французские и австралийские докладчики. Прорыв Австралии напрямую связан с выполнявшимся в течение пяти лет в этой стране проектом по картированию генома мягкой пшеницы, который поддерживало государство. Вполне заслуженно эта страна стала хозяйкой следующего 11-го симпозиума по генетике пшеницы.

Вызывает большое сожаление и даже тревогу, что Россия остается на обочине от мировых направлений в исследовании культуры, которая имеет огромное значение для ее экономики. Такие страны-лидеры, как США, Великобритания, Австралия, Франция, Япония прислали на симпозиум делегации численностью более 30 человек, из Китая приехало более 20 участников. Россия была представлена девятью участниками и по числу их находилась между Ираном и Ганой, странами, для которых хозяйственное значение пшеницы несоизмеримо ниже, чем в России. На данном симпозиуме впервые двое российских ученых выступали с устными докладами, Д. Мирошниченко из Института биоорганической химии в г. Пушкино и автор этого сообщения. Включение последнего в состав Оргкомитета следующего, 11-го симпозиума по генетике пшеницы является свидетельством конкурентоспособности наших работ и интереса к исследованиям, проводимым в нашей стране. На мой взгляд, научные достижения российских исследователей генетики пшеницы могут и должны шире представляться на подобных престижных научных мероприятиях.