

№5 1998 год НА IX МЕЖДУНАРОДНОМ СИМПОЗИУМЕ ПО ГЕНЕТИКЕ ПШЕНИЦЫ

Международные симпозиумы по генетике пшеницы проходят один раз в пять лет и являются основными мероприятиями, подводящими итоги научных исследований по мягкой пшенице и ее сородичам. IX Симпозиум проходил в Канаде, в г. Саскатуне провинции Саскатчеван. Провинция является центром зернового производства Канады, основным ландшафтом которой являются ныне распаханные дикие прерии, аналогичные российским степям. Климат, флора и почвы весьма сходны с западносибирскими, урожайность пшеницы составляет в среднем 30–40 ц/га. В г. Саскатуне находится большой мелькомбинат с полным циклом переработки зерна.

Нынешний Симпозиум проходил в университете Саскатчевана, основанном в начале века, и был как никогда представительным, собрав около 500 участников. Помимо основной программы, на Симпозиуме проводились рабочие совещания по различным тематикам. Наиболее значительным, судя по числу участников, было рабочее совещание, посвященное картированию генома *Triticeae* (ITMI). Эта международная программа, основанная 10 лет назад в Канзасе, включает в себя цитогенетические, молекулярно-генетические и генетические исследования по созданию рекомбинационных карт прежде всего мягкой пшеницы, а также родственных ей видов злаков. Главной целью ITMI является сравнительное картирование полиплоидных и диплоидных геномов, которые могут быть донорами ценных признаков, а также изучение эволюционных взаимосвязей и строения генома в целом. Другой целью ITMI является объединение разрозненных лабораторий и групп исследователей с целью быстрого создания точных карт и обмен научным материалом. Программа, к которой присоединилось более ста ученых из разных стран, финансируется такими международными центрами, как CYMMIT, ICARDA, GENOBLE, а также частными взносами. На симпозиуме распространялись труды двух последних рабочих совещаний, в которых собраны подробнейшие карты и описания всех хромосом мягкой пшеницы, снабженные тщательно подобранной библиографией. Всем участникам рабочего совещания также предлагались списки участников ITMI с данными по объемам финансирования и контактными адресами, а также чистые бланки для желающих присоединиться к этим исследованиям.

Работа симпозиума была разделена на следующие секции: цитогенетика и эволюция, генетические ресурсы и селекция, регуляция генов, селекция с помощью маркеров, трансгенез, биотические и абиотические стрессы и качество зерна. На каждой секции представлялся один ключевой доклад общего характера и несколько содокладов с конкретными данными. На секции цитогенетики и эволюции с основным докладом выступил Дж.Федак, который сосредоточился на исследованиях по передаче генов устойчивости пшеницы к различным заболеваниям от родственных видов. Актуальность этой темы связана с тем, что у пшеницы по многим заболеваниям, в частности вирусным, не обнаружено полиморфизма, а, например, из 41 известного гена *Lr* тридцать – интродуцированы из родственных видов. Процесс интрогрессии, сопряженный с несекрещиваемостью и гибелью зародышей, отсутствием гомеологической конъюгации, весьма трудоемок и возможен с применением генетических и биотехнологических подходов. Для идентификации в полученном материале генетических признаков донора широко используются цитогенетические подходы, такие как FISH и молекулярные маркеры различных типов. Так, около 30 генов устойчивости сейчас помечены сцепленными с ними определенными последовательностями и могут быть идентифицированы в геноме интрогрессивных форм.

Доклад известного цитогенетика Я.Дворака был посвящен родственным эволюционным связям между геномами различных видов *Aegilops* и *Triticum*, а сообщение японской исследовательницы М.Ямамо-то представляло собой описание нового метода высокоразрешающего картирования с помощью FISH на растянутых нитях ДНК. В докладе Т.Миллера по-новому освещена роль генов *ph* в рекомбинационном процессе, которая состоит не в обеспечении рекомбинации как таковой, а в узнавании гомологичных хромосом и выстраивании их перед мейозом. Как стало ясным, локус *Ph1* имеет сложную природу и состоит, как минимум, из трех генов, влияющих на гомеологическое спаривание.

Впечатляющим по объему проведенной работы был доклад Б.Гилла, посвященный конструированию физических карт всех хромосом мягкой пшеницы (21), основанных на цитологических данных. С учетом коллинеарности гомеологичных хромосом А-, В- и D-геномов были созданы консенсусные физические карты для семи основных хромосомных групп. Из 436 линий с делециями 291 линия, включавшая все пары хромосом пшеницы, была использована для картирования 384 маркеров, определяющих 908 локусов из 10 библиотек различных видов *Triticeae*. Эти карты высокой плотности показали, что гены пшеницы собраны в кластеры, перемежаемые блоками повторяющихся последовательностей. Дистальные районы хромосом несут больше генов, чем проксимальные, около 30% прицентромерных областей вовсе не содержат генов. Наблюдается сильная корреляция между распределением генов и рекомбинацией, последняя преимущественно происходит в обогащенных генами областях.

На секции, посвященной селекции и генетическим ресурсам, ключевым был доклад представителя CYMMIT'a Х.Брауна. Расчеты, сделанные этой организацией, показывают, что в ближайшие 20 лет для удовлетворения потребности растущего населения планеты производство пшеницы должно расти на 1.6–2.6% в год и достигнуть в 2020 году 1.050 млн тонн, а средняя урожайность должна подняться с нынешних 25 до 38 ц/га. Это требует уже сейчас новых научных подходов и объединения усилий ученых различных стран и специальностей. В частности, необходимо создание как можно большего числа местных и международных питомников для испытания новых образцов и обмена сортами. Крайне необходима обратная связь между генными банками, молекулярно-генетическими лабораториями и станциями, где проводят полевые испытания, для чего создана Международная информационная система по пшенице (IWIS). Большие надежды на улучшение пшеницы связывают с еще недостаточно развитыми исследованиями по физиологии и минеральному питанию, дальнейшему расширению ее генетического разнообразия, биотехнологии и получению гибридной пшеницы. Вместе с тем, докладчик подчеркнул, что все еще в ближайшие десять лет традиционные методы селекции будут решающими для повышения урожайности.

На секции, посвященной регуляции генов, половина докладов была так или иначе связана с синтезом запасных веществ эндосперма. Это неудивительно, так как именно эти работы активно проводятся в рамках ITMI и, следовательно, имеют солидную финансовую поддержку. В сообщении Р.Эйппелса приведена база данных по последовательностям генов, полученных у пшеницы. Из них более 100 последовательностей так или иначе связаны с эндоспермом.

Обширна и разнообразна была тематика секции, посвященной селекции с помощью молекулярных маркеров, основной доклад на которой сделал П.Лангридж, австралийский ученый, один из координаторов ITMI. Он отметил, что, несмотря на значительный прогресс в последние годы, пшеница все еще остается далеко позади риса, ячменя и кукурузы по числу молекулярных маркеров и их использованию в селекции. На сегодня около 50 локусов, контролируемых, в основном, устойчивостью к болезням и качеству муки, маркированы различными последовательностями типа RFLP, RAPD, AFLP, что совершенно недостаточно. Большие надежды возлагаются в последнее время на микросателлиты (SSR), отличающиеся надежностью и разнообразием. В его докладе тщательно проанализированы все преимущества и недостатки различных маркеров и возможность их использования в селекции пшеницы. Все остальные доклады были в той или иной мере посвящены поиску конкретных последовательностей, маркирующих гены *Lr*, *Pm*, устойчивость к *Fusarium*, качество зерна.

Результаты исследований по получению трансгенных растений пшеницы, как можно судить из представленных докладов, пока еще достаточно скромные. В ключевом докладе были представлены результаты опроса 25 биотехнологических лабораторий из разных стран по вопросам методов получения и отбора трансгенных растений, их стабильности и наследуемости признака. Очень часто результаты этих работ хранятся в секрете, однако известны три работы по успешному переносу гена высокомолекулярного глютелина, улучшающего качество муки, а также признака мужской стерильности с геном *barase*. Часть содокладов была посвящена технической стороне проблемы, остальные – также улучшению качества муки сортов с помощью трансгенеза.

Весьма впечатляющей, на мой взгляд, была секция, посвященная устойчивости пшеницы к различным заболеваниям и вредителям. Вообще, этот раздел находится на острие исследований по генетике пшеницы и, как видно из сообщений, хорошо финансируется. Исследователи заняты не только поиском новых источников устойчивости, но и одновременно используют все возможные инструменты для характеристики и маркирования конкретных генов. Примером такой работы, выполненной как классическим генетическим анализом, так и цитогенетическими и молекулярными методами, может быть сообщение Х.Бирстмайера с соавторами из Австрии, посвященное генетическому контролю устойчивости к фузариозу.

Кроме устных, на симпозиуме было представлено более 300 стендовых докладов, а Труды представлены четырьмя томами, а также новейшим Каталогом генных символов пшеницы. Остается только сожалеть, что из России присутствовало только семь участников, а Российский фонд фундаментальных исследований не оказал поддержки ни одному из них.

Все, кого интересуют материалы симпозиума, могут обратиться к автору (E-mail: wheatpsh@cgi.nsk.su). Автор выражает искреннюю благодарность А.Д. и В.И.Малышевым, частным лицам, оказавшим ему финансовую поддержку для участия в Симпозиуме.

Т.А.Пшеничникова,
к.б.н., научный сотрудник сектора цитогенетики пшеницы,
ИЦиГ СО РАН, Новосибирск