

## ИНСТИТУТ ЦИТОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ СО РАН И МЕЖДУНАРОДНЫЕ НАУЧНЫЕ ПРОГРАММЫ ПО ГЕНЕТИКЕ ПШЕНИЦЫ

С 25 июня по 1 июля 2005 г. в г. Праге состоялось очередное, 13-е Международное совещание EWAC (European Wheat Aneuploid Cooperative). Представители России регулярно участвуют в этих совещаниях с 1994 г. Среди основателей этой некоммерческой научной организации была сотрудник Института цитологии и генетики СО РАН О.И. Майстренко, известный ученый в области генетики пшеницы, создатель наиболее полных в России цитогенетических коллекций мягкой пшеницы. Следует отметить, что одно из таких совещаний, проходивших в Новосибирске в 2000 г., было посвящено ее памяти.

Характерной особенностью совещания, где представлялись как устные, так и стендовые доклады, было объединение прежних цитогенетических методов исследований пшеницы с современными молекулярными технологиями для решения традиционных для него задач – генетического изучения агрономически ценных признаков. В двух докладах А. Бёрнера (Германия) и Т. Пшеничниковой (Россия) были приведены примеры успешного использования такого подхода для картирования отдельных генов и локусов количественных признаков (QTL) в геноме мягкой пшеницы. Одновременно была предложена идея использования анеуплоидов для обратной работы – проверки истинности QTL, выявленных ранее в рекомбинантных популяциях. Часть докладов, сделанная представителями Германии, Англии, Венгрии и других стран, была посвящена исследованиям генетических основ устойчивости пшеницы к болезням и абиотическим стрессам, таким, как засоление, избыток тяжелых металлов, низкие температуры. Очень интересные в этом отношении доклады итальянских ученых А. Бланко и Р. Си-

меоне были посвящены интрогрессии генов устойчивости к мучнистой росе и генов высокобелковости от дикой пшеницы *Triticum dicoccoides* в культурные формы твердой пшеницы с использованием метода молекулярных маркеров. Обратил на себя внимание доклад Р. Кёбнера с соавторами (Великобритания), подготовленный по материалам исследований Европейской программы GEDIFLUX. Доклад был посвящен анализу изменения уровня генетического разнообразия среди европейских озимых сортов пшеницы, созданных в 1950–2000 гг. Вопреки распространенному мнению, не было обнаружено сужения его уровня в процессе селекции. Наоборот, в 1970–1980-х гг. наблюдалось его расширение, связанное с привлечением новых доноров полукарликовости из коллекции СИММИТа.

На предыдущих совещаниях EWAC остро стояла проблема нехватки молодых исследователей для работы в области генетики злаков. Многие из основателей организации достигли пенсионного возраста. Некоторые уже ушли из жизни, за последние три года – Дитер Меттин (Германия), Энрике Суарез (Аргентина), Стив Петрович (Югославия). Присутствие на 13-м совещании EWAC молодых исследователей из Германии и Великобритании явилось отражением развития новых подходов к решению селекционно-генетических задач.

Существенным научно-организационным событием, состоявшимся в конце совещания, стало переименование EWAC в European Cereal Genetics Co-operative (ECGC). Связано это с тем, что к настоящему времени уже закончено широкомасштабное создание цитогенетических коллекций у пшеницы. Центр исследований переносится на изучение структуры и функции генома злаков,

при этом молекулярные технологии становятся важным их инструментом. С другой стороны, реальностью современной генетики становится получение фундаментальных научных результатов усилиями больших интернациональных коллективов ученых. Поэтому ECGC, используя огромный опыт работы с цитогенетическими коллекциями, будет принимать участие в работе других международных организаций.

На заключительном заседании совещания выступил Том Пейн, представитель СИММИТ (Мексика) и один из координаторов крупной международной программы Generation Challenge Program (GCP, [www.generationcpr.org](http://www.generationcpr.org)). Он рассказал о поистине революционных целях и задачах этой программы в области селекции сельскохозяйственных растений. Подобно зеленой революции, она планирует создание нового поколения культур, основываясь на достижениях сравнительной геномики, молекулярной селекции и биоинформатики. Отличительной особенностью GCP-программы является вовлечение в программу сразу 22 культур и ориентир на адаптацию к краевым ареалам их возделывания. Свободный доступ к полученным результатам, лучшим генетическим коллекциям и новым маркерным технологиям является основным принципом GCP. Инициатором и координатором программы является организация CGIAR (Консультативная группа по международным сельскохозяйственным исследованиям), а ее партнерами – передовые исследовательские институты и национальные сельскохозяйственные исследовательские системы в развивающихся странах.

В настоящее время засуха считается главным следствием изменения климата на планете. Поэтому ключевой идеей GCP является использование достижений геномики для изучения генетических механизмов засухоустойчивости у основных сельскохозяйственных культур. Для России эта проблема также является крайне актуальной, так как большинство посевных площадей пшеницы в нашей стране находится в зонах рискованного земледелия. В то же время к селекционным достижениям России можно отнести создание многих засухоустойчивых сортодоноров этого признака.

Очень часто засуха сопровождается экс-

тремальными температурами, засолением почвы, ее обеднением, накоплением в ней токсических веществ, что еще более обостряет жизненные условия растений. Абиотические стрессы могут приводить к потере половины урожая во всем мире. В рыночных условиях ускоренное создание новых, быстро окупаемых сортов, приспособленных для возделывания в маргинальных природных условиях, является основой устойчивого сельского хозяйства и продовольственной безопасности. Именно поэтому GCP концентрирует свое внимание на исследовании генетических основ устойчивости к засухе и другим видам стрессов.

Ответ растения на засуху очень сложен и включает в себя взаимодействие между различными молекулярными, биохимическими и физиологическими процессами. Растение использует различные способы защиты от засухи. Некоторые морфологические признаки помогают злакам легче переносить этот вид стресса. Растения пшеницы с прямостоячими листьями дают более высокий урожай в условиях засухи. Более узкие эректоидные листья некоторых сортов способны скручиваться в ответ на засуху, уменьшая испарение воды. Обнаружено, что листья с восковым налетом имеют температуру листовой поверхности на 0,7 °C ниже, чем безвосковые и медленнее увядают. Преимущество в урожае таких генотипов составляет от 7 % у пшеницы до 15–16 % у сорго и ячменя. Большое значение в защите листа от перегрева и интенсивной солнечной радиации имеет опушение. Именно поэтому абсолютное большинство сортов, районированных в Поволжье, Западной Сибири и Казахстане, имеют густое опушение. Генетический контроль формы листа, опушения, синтеза воскового налета, а также полиморфизм и вклад в засухоустойчивость отдельных локусов, контролирующих у пшеницы эти признаки, изучены недостаточно.

Идентифицированы гены, продукты которых на физиолого-биохимическом уровне участвуют в формировании устойчивости растений к засухе. Вместе с тем наследование этих генов ввиду их количественного проявления изучено довольно слабо. С развитием молекулярных технологий и появлением сравнительной геномики эти исследо-

вания могут стать более результативными. С помощью подобных методов возможно выявление областей генома или локусов, ассоциированных с полиморфизмом по количественным признакам (QTL), в том числе и с засухоустойчивостью. У риса уже картированы QTL, связанные с такими признаками, как осмотическая регуляция, водопоглощение, особенности корневой системы, устьичная проводимость и другие. Например, в хромосомах 1, 2 и 4 выявлены QTL для двух важных для засухоустойчивости признаков корней – их толщины и проникающей способности. Локусы идентифицированы в разных дигиплоидных популяциях. Получены данные, указывающие на сходное положение в геномах злаков QTL, определяющих сходные физиологические признаки. Выявленный у риса QTL осмотической регуляции оказался гомеологичным аналогу локусу в хромосоме 7AS пшеницы. У ячменя ряд QTL, расположенных в хромосоме 1 и связанных с осморегуляцией, были гомеологичны QTL, найденным на хромосоме 8 риса. Вероятно, указанные районы хромосом содержат гены или кластеры генов, ответственные за адаптацию к засухе на физиологическом уровне у многих злаков.

Абиотические стрессы, такие, как засуха, засоление, экстремальные температуры, оксидативный стресс зачастую индуцируют схожие клеточные нарушения и активируют аналогичные сигнальные пути. В исследованиях на арабидопсисе выделен ряд транскрипционных факторов, индуцируемых стрессами, таких, как DREB, CBF и CRT. Они в свою очередь индуцируют синтез абсцизовой кислоты (ABA), играющей жизненно важную роль в стрессовом ответе. Сравнительные геномные исследования в одной из работ показали, что QTL, найденный в хромосоме 5A и связанный с уровнем синтеза ABA у пшеницы, находится в сходном районе хромосомы 9 риса, и оба связаны с осморегуляцией.

На биохимическом уровне в ответ на осмотический стресс происходит активный синтез осмолитов, таких, как пролин и четвертичные амины. Накопление в результате стресса в клетке активных окислителей ( $O_2$ ,  $H_2O_2$ ,  $OH^-$ ) вызывает развитие антиоксидантных реакций с участием антиоксидантов –

специальных ферментов и веществ неферментной природы. При этом у засухоустойчивых растений существенно активизируются тиолдисульфидные превращения с участием глутатиона и увеличивается суммарное количество дисульфидных связей. Однако генетические основы этих процессов практически не изучены. Дальнейшее понимание биологических и молекулярных механизмов на стресс может быть достигнуто при одновременном участии традиционной генетики, функциональной и сравнительной геномики, транскриптомики и протеомики.

Блестящим примером успешного объединения усилий генетических и физиологических исследований с геномными технологиями может быть работа, выполняемая в Международном институте риса (IRRI), по изучению гена *Pup1*, определяющего эффективность поглощения фосфора растением из почвы. Этот ген был идентифицирован в одном из стародавних сортов риса и введен в изогенную линию. Далее с помощью молекулярных методов и с использованием полной геномной карты риса поиск был сужен до небольшого района хромосомы. Следующим шагом будет выделение этого гена и определение его физиологической роли в ответ на нехватку фосфора.

Именно такие подходы будут применяться для выяснения генетической природы устойчивости к засухе и другим стрессам у различных сельскохозяйственных культур при выполнении международной программы GCP. Таким образом, данная программа не только нацелена на глобальное изучение геномов растений, но и на разработку новых стратегий в селекции. Использование молекулярных маркеров для различных агрономически ценных признаков, нанесенных на геномные карты, может сделать селекцию растений более быстрой и целенаправленной.

Включение Института цитологии и генетики СО РАН в программу GCP в качестве участника обусловлено наличием адекватного генетического материала для изучения засухоустойчивости. Одновременно учитывался уже имеющийся опыт и научные результаты работы в этом направлении. Роль ИЦиГ СО РАН (в сотрудничестве с Сибирским институтом физиологии и биохимии растений) будет заключаться в выявлении и

генетическом изучении конкретных биологических факторов, молекулярных маркеров и QTL, связанных с адаптацией пшеницы к различным стрессам. С другой стороны, вклад ИЦиГ может состоять в построении на основе уже известной информации у других видов растений генных сетей и моделей процессов, протекающих при воздействии на растение неблагоприятных факторов.

Участие России в данной программе открывает доступ к новым технологиям молекулярной селекции, мировым генетическим ресурсам и информационным технологиям сельскохозяйственного и иного назначения.

Выражаем благодарность сотрудникам СИФиБР СО РАН В.А. Труфанову и С.В. Осиповой за помощь в подготовке публикации.

**Т.А. Пшеничникова, О.Г. Смирнова**  
Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск