

К 135-летию академика Н.И. Вавилова: актуальные исследования коллекций генетических ресурсов растений

Уважаемые читатели!
25 ноября 2022 г. исполняется 135 лет со дня рождения нашего выдающегося соотечественника Николая Ивановича Вавилова!

Предлагаем вашему вниманию выпуск «Вавиловского журнала генетики и селекции», в котором в честь юбилея великого ученого представлены обзорные и оригинальные статьи в развитие тех направлений комплексного и разностороннего изучения культурных растений, которые были начаты Н.И. Вавиловым в ВИР в 1920–1930-х гг. с использованием традиционных и новейших методов исследования мирового уровня.

Сегодня с применением современных методов и подходов работу с генетическими ресурсами растений в тесном сотрудничестве с ВИР им. Н.И. Вавилова ведет широкий круг исследователей по всей стране. Авторами статей текущего выпуска являются сотрудники Федерального исследовательского центра Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) из Санкт-Петербурга, а также Краснодарского края и Приморского края (филиалы ВИР), сотрудники Федерального селекционно-технологического центра садоводства и питомниководства (Москва), Федерального исследовательского центра «Фундаментальные основы биотехнологии» РАН (Москва), Федерального научного центра овощеводства (Москва), Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия (Краснодарский край), Омского аграрного научного центра (Омская область), Сибирского федерального научного центра агробиотехнологий РАН (Новосибирская область), Федерального исследовательского центра Институт цитологии и генетики СО РАН и его филиала – Сибирского НИИ растениеводства и селекции, а также Курчатковского геномного центра ИЦиГ СО РАН (Новосибирская область), Санкт-Петербургского государственного университета, Саратовского национального исследовательского государственного университета им. Н.Г. Чернышевского, Новосибирского национального исследовательского университета, Томского государственного университета и Дальневосточного федерального университета.

Рациональная стратегия комплексного изучения коллекций генетических ресурсов растений основана на структурировании и дифференциации генофонда. В качестве примера этого этапа комплексных исследований и рационального использования генетических коллекций может служить работа Е.В. Семеновой с коллегами по фенотипированию образцов гороха в условиях Краснодарского края на Адлерской опытной станции ВИР. Оценка генофонда гороха по четырем качественным, десяти количественным и четырем фенологическим признакам в течение трех лет в экологических условиях Адлерской опытной станции позволила дифференцировать изученный генофонд по направлениям использования (зерновое, кормовое и овощное). Структурирование генофонда и

представленные данные, которые характеризуют каждый образец по комплексу признаков, определяющих направление использования, позволяют рационально подходить к выбору как исходного материала для селекции, так и образцов для дальнейших генетических исследований. Еще одним примером комплексной фенотипической оценки генофонда для его дальнейшего рационального использования служит оригинальное исследование М.Г. Евдокимова с соавторами, целью которого было выявление перспективных генетических источников для создания сортов твердой яровой пшеницы в Западной Сибири. В результате выделены источники хозяйственно ценных признаков по таким показателям, как натура и качество зерна и устойчивость к основным заболеваниям в регионе возделывания. Кроме того, выделены 25 образцов пшеницы, резистентных к возбудителю стеблевой ржавчины агрессивной угандской расы Ug99.

Неотъемлемой частью комплексной оценки генетических ресурсов растений является хемотипирование. Особую значимость данная оценка имеет в случае изучения плодовых и ягодных культур. По результатам исследования С.М. Мотылевой с коллегами даны оценки плодов ремонтантной малины по содержанию макро- и микроэлементов в условиях выращивания в средней полосе России. Образцы с наибольшим накоплением макро- и микроэлементов в ягодах рекомендованы в качестве генетических источников для дальнейшей селекции малины на улучшение минерального состава плодов. В работе Т.В. Шеленги с соавторами осуществлено метаболомное профилирование плодов образцов черной смородины и жимолости с применением газожидкостной хроматографии, сопряженной с масс-спектрометрией. Это позволило высказать рекомендации по источникам как для пищевого назначения, так и для экстракции биологически активных веществ. В качестве источника биологически активных веществ интерес представляет многолетнее травянистое растение перилла. Проведенный М.П. Разгоновой с соавторами анализ полифенольных соединений в листьях растений из генофонда данной культуры позволил выявить широкий спектр биологически активных соединений (кумарин умбеллиферон, тритерпен сквален, стеариновая кислота, ряд высокомолекулярных карбоновых кислот и др.).

В 1920-х гг. Николай Иванович Вавилов организовал впервые в нашей стране масштабные генетические исследования культурных растений и их диких родичей. За столетие произошла колоссальная трансформация методик, используемых для генетического анализа. Задачи, поставленные Н.И. Вавиловым по изучению генетических ресурсов растений, сегодня решаются при помощи молекулярных и геномных подходов. Для выявления доноров ценных генов, а также определения характера наследования того или иного признака у изучаемых сортов используются диагностические ДНК-маркеры. Это значи-

тельно упрощает и ускоряет как генетический анализ, так и пребридинговую и селекционную работу по признакам с моно- и олигогенным контролем.

Так, И.И. Супрун с коллегами выполнили молекулярно-генетическую идентификацию генов, детерминирующих признаки качества плодов яблони (потребительская привлекательность, лежкоспособность и транспортабельность плодов) и устойчивость к парше. Выделенные образцы, несущие приоритетные для селекции аллели искомым генов, являются комплексными донорами, а также ценным селекционным материалом для создания сортов с повышенными характеристиками качества плодов и устойчивостью к парше. В работе А.В. Кулаковой с соавторами выделены перспективные ДНК-маркеры для генотипирования сортов томата с целью отбора доноров устойчивости к различным стрессовым факторам. Исследование коммерческих сортов яровой мягкой пшеницы Восточной и Западной Сибири в работе С.Э. Смоленской с соавторами при использовании методов фенотипирования и генотипирования на основе ДНК-маркеров, специфичных для генов яровизации мягкой пшеницы *Vrn*, позволило выделить три группы сортов, у которых яровой тип развития и сроки контролируются при помощи одного, двух и трех генов *Vrn* соответственно. Установленное аллельное состояние генов *Vrn* и сведения о сроках спелости изучаемых сортов позволяют в дальнейшем целенаправленно вести маркер-контролируемый отбор по группам спелости, что важно для учета экологической зональности (тайга, подтайга, лесостепь, степь) в регионах возделывания пшеницы.

Иные подходы применяются в отношении количественных признаков. Преобладающая часть локусов, контролирующая такие признаки, до сих пор остается неизученной. Для их выявления проводят полногеномный анализ ассоциаций на основе фено- и генотипирования

генофонда. Так, например, в работе И.Н. Леоновой и Е.В. Агеевой, нацеленной на картирование локусов, ассоциированных с устойчивостью к полеганию у яровой мягкой пшеницы, выявлено 26 значимых ассоциаций в хромосомах 1В, 2А, 3А, 3D, 4А, 5А, 5В, 5D, 6А и 7В. Полученные результаты позволяют предположить, что районы хромосом 3А и 6А могут содержать кластеры генов, влияющих как на устойчивость к полеганию, так и на высоту растения. Результаты могут иметь значение для разработки методов создания устойчивых к полеганию сортов с помощью маркер-ориентированной и геномной селекции.

Отдельное направление современных работ с генетическими ресурсами растений представляют исследования в сфере биотехнологии, которые включают в себя применение методов геномной и клеточной инженерии и геномного редактирования. Последний подход, как показано в обзоре А.Б. Щербаня, позволяет более эффективно вовлекать в селекционные программы дикие родичи культурных растений, применяя методы доместикации *de novo*. Важное значение в работах биотехнологического направления имеет повышение эффективности процессов (например, каллусообразования, регенерации, гаплоиндукции и др.), с которыми напрямую связан успех достигаемых практических результатов. Этим вопросам посвящены публикации Г.В. Хафизовой и Т.В. Матвеевой, а также обзорная статья А.В. Ульянова с соавторами.

Комплексные исследования коллекций генетических ресурсов растений, результаты которых представлены в выпуске, проводились в рамках Федеральной научно-технологической программы развития генетических технологий на 2019–2030 гг., грантов Российского научного фонда, а также научно-исследовательских работ государственных заданий федеральных государственных бюджетных учреждений.

профессор РАН Е.К. Хлесткина
профессор И.Г. Лоскутов