

ЭФФЕКТИВНОЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ В УСЛОВИЯХ МЕНЯЮЩЕГОСЯ КЛИМАТА

(по материалам конференции EUCARPIA-2013
European Plant Genetic Resources Conference
«Pre-breeding – fishing in the gene pool»)

Супрунова Т.П. – кандидат с.-х. наук, с.н.с. лаб. биотехнологии

*ГНУ Всероссийский НИИ селекции и семеноводства овощных культур Россельхозакадемии
143080, Московская обл., Одинцовский р-он, п. ВНИИССОК, ул. Селекционная, 14
Тел.: +8(495)599-24-42, e-mail: suprunova@gmail.com*

С 10 по 13 июня 2013 года в городе Алнарп (Швеция) проходила международная конференция EUCARPIA-2013, посвященная изучению генетических ресурсов в условиях меняющегося климата. На конференции присутствовали различные члены сообщества, а также пользователи генетических ресурсов со всего мира.

Ключевые слова: генетические ресурсы, дикие сородичи культурных растений, банки генов, изменения климата.

Организаторами конференции были Сельскохозяйственный Университет города Алнарп (Swedish University of Agricultural Sciences in Alnarp) (<http://www.slu.se/en/about-slu/locations/alnarp/>), на базе которого проходил симпозиум, и один из самых крупных генбанков Европы – NordGene (Nordic Genetic Resource Centre, <http://www.nordgen.org/>) – Скандинавский Центр Генетических Ресурсов.

В конференции приняли участие 186 представителей из 35 стран. Было заслушано 32 пленарных доклада и обсуждено 99 стендовых сообщений на актуальные темы сохранения и использования генети-



ческих ресурсов растений в условиях глобального потепления климата. Программа конференции включала семь пленарных заседаний, посвященных следующим темам: «Геномика генбанков», «Продовольственная безопасность», «Генетическое разнообразие на службе здорового питания», «Дикие виды культурных растений, многофункциональное сельское хозяйство и изменения климата», «Генетические ресурсы и признаки в условиях глобального потепления», «Генетический вклад в уменьшение негативного влияния сельскохозяйственной деятельности на Землю», «Генбанки и интеллектуальная собственность». Во второй день кон-



ференции было организовано посещение отдельных лабораторий Сельскохозяйственного Университета города Алнарп (Swedish University of Agricultural Sciences in Alnarp), а также полей и теплиц, на которых выращивают и поддерживают некоторые коллекционные образцы генбанка NordGene, в основном зерновых, масличных, технических и некоторых бобовых культур.

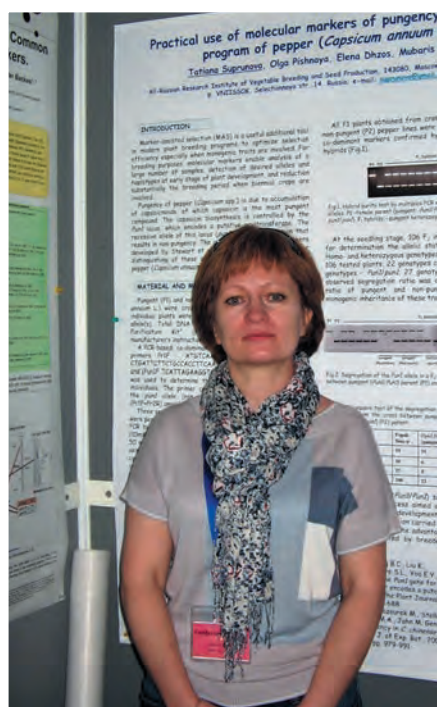
Примерно 95% потребностей человечества в калорийной пище обеспечивают около 30 сельскохозяйственных культур, при этом на долю таких культур, как рис, пшеница, кукуруза и картофель, приходится 60%. Учитывая тот факт, что относительно небольшое число сельскохозяйственных культур играет выжнейшую роль в обеспечении продовольственной безопасности, задачей мировых генбанков, в первую очередь, является изучение разнообразия и сохранение потенциала внутри этих видов.

Так, например, в работе нескольких лабораторий различных научных центров Америки были проведены полногеномные исследования диких видов, местных разновидностей и современных элитных сортов риса, основанные на генотипирова-

нии с помощью технологии единичных нуклеотидных замен – SNP (single nucleotide polymorphism) и фенотипирования целого ряда агрономических, физиологических и морфологических признаков. Было выявлено несколько субпопуляционных структур внутри вида, показаны многочисленные общие варианты, влияющие на целый комплекс признаков, детектирована значительная гетерогенность генетической «архитектуры» субпопуля-

ций (McCouch et al., 2013).

По подсчетам ученых к 2075 году на планете количество углекислого газа увеличится вдвое, а температура повысится в среднем на 5-6 °C. В связи с этим необходимо интенсивное изучение генетического разнообразия растений, которое может обеспечить ценные свойства, необходимые для решения таких проблем в будущем, как адаптация сельскохозяйственных культур к изменяющимся климатическим условиям или вспышкам заболеваний. В работе английских ученых (Jorgensen et al., 2013) была изучена способность к адаптации таких сельскохозяйственных культур как рапс масличный (*Brassica napus* L.), ячмень (*Hordeum vulgare* L.), и капуста листовая (*B. rapa* L.). В искусственно созданных условиях фитотрона (повышенная температура, увеличенная концентрация CO₂ и озона) были проведены исследования в течение четырех поколений 32 образцов рапса и листовых капуст, а также 138 образцов ячменя по ряду хозяйственных и морфологических признаков. Было установлено, что при повышенном количестве углекислого газа репродуктивная способность масличного рапса





увеличивалась, при этом повышение температуры не оказывало какого-либо значительного влияния. У ячменя репродуктивная способность, в основном, подавлялась в поколениях под действием абиотического стресса. У листовых капуст в течение 4-х поколений наблюдалось увеличение вегетативной биомассы с одновременным подавлением репродуктивной функции под действием повышенной температуры и углекис-

лого газа. Обнаруженные различия между сортами изученных видов по адаптационной способности к искусственно смодулированным изменяющимся климатическим условиям дают основания для проведения в дальнейшем селекционных работ по созданию новых сортов, устойчивых к абиотическим стрессам (Jorgensen et al., 2013).

Многими учеными проводится скрининг коллекций генплазм рас-

тений с целью выявления источников устойчивости к засухе, т.к. водный дефицит – это еще одна из серьезных проблем, с которой может столкнуться человечество в результате климатических изменений. Так, например, в исследованиях, проведенных на сортах и диких популяциях конских бобов (*Vicia faba* L.) из разных экологических зон (засушливых и с нормальным количеством сезонных осадков), была подтверждена гипотеза о том, что местные сорта и разновидности отражают давление отбора, накладываемого условиями произрастания. В условиях оптимального водного обеспечения образцы бобов из засушливых районов, по сравнению с образцами из районов с нормальным количеством осадков, имели гораздо лучшие показатели, связанные с функциями устьиц листа и водного режима растения в целом (большие размеры устьичных клеток, большее количество устьиц на единицу поверхности листа, более высокое относительное влагосодержание листьев и др.), что может быть использовано для изучения признаков, связанных с адаптацией растений к меняющимся условиям окружающей среды (Khazaei et al., 2013).

В устных докладах, представленных на конференции, подчеркивалась необходимость проведения интенсивных предбридинговых (pre-breeding) исследований по выявлению желаемых характеристик и идентификации генов в исходном, неадаптированном растительном материале, который не может быть использован напрямую в селекционном процессе, а также переносе таких ценных генов/признаков во вновь создаваемый исходный материал, который уже, в свою очередь, может быть вовлечен в непосредственный селекционный процесс (Mba et al., 2013).

Практическое использование молекулярно-генетического подхода



для скрининга коллекций генбанков было показано в ряде научно-исследовательских работ. Так с использованием технологии DArT (Diversity Arrays Technology) маркирования и хромато-масс-спектрометрии была изучена коллекция гексаплоидной пшеницы (185 образцов) и выявлено 267 QTLs, сцепленных с 76 признаками, связанными с ароматическими компонентами зерна мягкой пшеницы (Orabi et al., 2013).

В целом ряде постерных сообщений была показана возможность эффективного использования различных молекулярных маркеров (ISSR, SSR, AFLP и др.) для изучения биологического разнообразия, выявления межвидового, межсортового полиморфизма, уточнения филогенетических связей таких культур как томат (Glogovac et al., 2013), лука (Sumalan et al., 2013), дикий салат (Lebeda et al., 2013), капустные культуры (Poulsen et al., 2013), сахарная свекла (Curcic et al., 2013), табак (Del Piano et al., 2013), овощной горох (Gailite et al., 2013).

Предбридинговые исследования генплазмы различных коллекций растений также могут быть направлены на выявление источников устойчивости к биотическим стрессорам. Маркеры, основанные на ПЦР (PCR-based technique), были использованы для идентификации генотипов, несущих гены/аллели, отвечающие за устойчивость к парше у яблони (Sasnauskas et al., 2013), к антракнозу и вирусу обыкновенной мозаики (BCMV) фасоли (Negay et al., 2013), к феллодии у кунжута (Uzun et al., 2013), к листовой ржавчине и мучнистой росе у пшеницы (Pietrusinska et al., 2013).

Данные молекулярного маркирования позволяют эффективно определять уровень дивергентности исходного материала и прогнозировать максимальный эф-



фект гетерозиса, как это было показано в работе Svirshchevskaya et al. (2013) на линиях сахарной свеклы и на различных видах нута в работе Toker et al. (2013).

Один из способов передачи желаемых признаков от дикорастущих видов в культурные сорта – это межвидовая гибридизация. В нескольких постерных сообщениях были представлены результаты по межвидовому скрещиванию. Учеными Vilanova et al., (2013) был получен межвидовой гибрид между культурным баклажаном (*Solanum melongena* L.) и диким видом (*S. incanum* L.), который является ценным источником устойчивости к различным патогенам и отличается высоким содержанием производных фенольных соединений, являющихся сильными антиоксидантами. Проведена оценка потомства межвидовых гибридов культурного подсолнечника (*Helianthus annuus* L.) и его диких разновидностей (*H. petiolaris* L. и *H. debilis* L.) на устойчивость к белой гнили, возбудителем которой является гриб *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary; выделены устойчивые генотипы (Terzic et al., 2013).

Использование потенциала гене-

тических ресурсов может быть максимально эффективным только в том случае, когда изучение генетического разнообразия и практическое его использование в селекции происходит в целостной системе партнерства, охватывающей все заинтересованные стороны – от фермеров до исследователей и управляющих генетическими банками. Такой комплексный подход служит основой для разработки механизмов, которые позволят земледельческим системам адаптироваться к глобальным изменениям климата, и обеспечивать будущие потребности человечества в здоровом питании.

Учеными ВНИИССОК было представлено постерное сообщение, посвященное практическому использованию молекулярных маркеров остроты перца в селекционных программах (Т. Suprunova, О. Pishnaya, Е. Dhzos, М. Mamedov. Practical use of molecular markers of pungency in breeding program of pepper (*Capsicum annuum* L.)).

Все материалы конференции доступны в электронном виде на сайте <http://epgrc2013.nordgen.org/home>

Литература

1. Curcic Z., Nagal N., et al. Evaluation of genetic diversity among open-pollinated sugar beet populations using quantitative root traits. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.84.
2. Del Piano L., Dato F., et al. Genetic variability in *N.tabacum* as revealed by morphological traits and molecular markers. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.77.
3. Gailite A., Bumane S., et al. Evaluation, characterization and utilization of Latvian pea (*Pisum sativum* L.) genetic resources. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.100.
4. Glogovac S., Takac A., et al. Molecular evaluation of tomato (*Lycopersicon esculentum* L.) genotypes using microsatellite markers. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.78.
5. Hegay S., Geleta M., et al. Introducing host plant resistance to seed-borne diseases anthracnose (*Colletotricum lindemuthianum*) and bean common mosaic virus (BCMV) in Kyrgyz common bean through marker-aided and inoculation-based backcrossing.// Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.83.
6. Jorgensen R., Frenck G., et al. Adaptation of oilseed rape, barley, and Brassica rapa to the future climate and increased CO₂. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.17.
7. Khazaei H., Street K., et al. The focused identification of germplasm strategy (FIGS): an approach to pre-breeding for water-limited environments.// Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.42.
8. Lebeda A., Kristkova E., et al. Prickly lettuce – enormous source of variation unexploited in lettuce breeding. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.87.
9. Mba C., Guimaraes E., et al. Enhancing global capacity for pre-breeding. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.24.
10. McCouch S., Wright M., et al. Genome wide association studies (GWAS) help develop blueprint for better utilization natural variation in rice. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.15.
11. Orabi J., Starr G., et al. A large scale association study for aroma wheat components in bread wheat. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.28.
12. Pietrusinska A., Czembor J. Wild wheat as source of resistance to leaf rust and powdery mildew. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.145.
13. Poulsen G., Maggioni L., et al. Molecular markers for botanic identification among Brassica species.// Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.73.
14. Sasnauskas A., Gelvonauskiene D. Assessment of resistance to apple scab (*Venturia inaequalis*) of apple genetic resources and breeding applications at the institute of horticulture, LRCAF. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.88.
15. Sumalan R., Popescu S. et al. Studies on biodiversity of local onion (*Allium cepa* L.) landraces cultivated in saline areas from western Romania through phenotypic and molecular analysis. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.79.
16. Suprunova T., Pishnaya O. et al. Practical use of molecular markers of pungency in breeding program of pepper (*Capsicum annuum* L.). // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.67.
17. Svirshchevskaya A., Malysheva O. et al. SSR analysis of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) parental forms of different origin for predicting possible heterosis effects. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.72.
18. Terzic S., Dedic B. Interspecific sunflower progenies selection for resistance white rot caused by *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.132.
19. Toker C., Ikten F. et al. Association between heterosis and genetic distance based on morphological traits and SSR markers in Cicer species. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.85.
20. Uzun B., Yol E. et al. Screening, testing, and molecular diagnosis for resistance against phyllody diseases in sesame. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.82.
21. Vilanova S., Gramazio P. et al. Facilitating the fishing in the gene pool of the wild eggplant relative *Solanum incanum* by developing introgression lines. // Pre-breeding – fishing in the gene pool». Abstract of oral presentation and posters of the European Plant Genetic Resources Conference 2013, NordGene, SLU, Alnarp, Sweden. Pp.128.