

УДК 578

СТРАТЕГИИ ПО ОПТИМИЗАЦИИ ПРОЦЕССА ВЫВЕДЕНИЯ НОВЫХ СОРТОВ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ: СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Шарапатова Айман Акыновна

aiman99692@gmail.com

Магистрант 1 курса факультета естественных наук,
Евразийский национальный университет им. Л.Н.Гумилева, г. Нур-Султан, Казахстан
Научный руководитель – Турпанова Р.М., к.с.х.н., и.о. профессора

Аннотация: Яровая пшеница – одна из важнейших сельскохозяйственных культур в мире. Селекция пшеницы, как и многих других культур, быстро развивалась как с точки зрения фундаментальной науки, так и методов и инструментов. Цель данной работы состоит в том, чтобы дать краткий и ценный обзор по некоторым избранным аспектам, связанным с селекционным процессом, но особенно с современными достижениями в усовершенствовании технологий селекции пшеницы. Особое внимание уделяется новым подходам и инструментам, которые в настоящее время находятся в стадии разработки, а также вновь появившимся в последнее время.

Ключевые слова: яровая пшеница, селекция, сельскохозяйственные культуры.

Основными приоритетами в селекции пшеницы считаются: повышение потенциала урожайности для удовлетворения пищевых потребностей, обеспечение устойчивости к болезням, а также устойчивости к абиотическим стрессам, особенно к засухе и жаре. Наконец, должны появиться новые признаки, такие как устойчивость к насекомым, полегание, двойное назначение (фураж и зерно), улучшенное использование питательных веществ и эффективность биообогащения зерна.

Большинство будущих приоритетов в селекции пшеницы должны остаться прежними, но необходимость более быстрого развития и накопления знаний из разных

областей должна обеспечить новые стратегии и пути для достижения этих целей. Было показано, что увеличение фотосинтетической способности является одним из наиболее важных препятствий для повышения потенциальной урожайности пшеницы, и есть теоретические доказательства того, что она может быть улучшена за счет вставки генов фиксации углерода C₄, чья стратегия заслуживает инвестиций [1].

Известно, что пшеничное зерно богато глютенем, чертой, которая имеет решающее значение для выпечки, но отрицательно для потребления людьми с глютеновой болезнью. Это может привести к потенциальному сокращению потребления пшеницы в ближайшие десятилетия, если мы не сможем обеспечить зерно, не обладающее этим недостатком. К счастью, есть данные о том, что некоторые сорта пшеницы содержат глютен, но химически другого типа, который могут употреблять в пищу люди с глютеновой болезнью, что потенциально может стать важной мишенью для селекции пшеницы в ближайшие годы.

Улучшение пшеницы может быть более сложным, чем для многих других культур, поскольку селекционеру необходимо «соответствовать» количеству и качеству, увязывая урожайность с качеством зерна и муки, что не является постоянной проблемой для таких культур, как соя (*Glycine max* L.) или кукуруза (*Zea mays* L.), которая может, по большей части, сосредоточиться на урожайности. Кроме того, это вид с ограниченной генетической изменчивостью по сравнению с большинством других культур. В дополнение ко всему, размер его генома, сложность и полиплоидная природа представляют собой проблему при применении некоторых биотехнологических методов.

Чтобы расширить генетическое разнообразие, доступное для селекции пшеницы, необходимо будет применять различные методы, в том числе индукцию мутаций, генетическую трансформацию, редактирование генома и интрогрессию видов вторичного и третичного генофондов.

Интрогрессии

Интрогрессия, также известная как интрогрессивная гибридизация, в генетике - это перенос генетического материала одного вида в генофонд другого путем повторного обратного скрещивания межвидового гибрида с одним из его родительских видов. Самая важная интрогрессия на сегодняшний день у пшеницы связана с хромосомной транслокацией *IRS-IBL* между пшеницей и рожью (*Secale cereale* L.), возникшей в первой трети прошлого века, которая повысила потенциал урожайности пшеницы и устойчивость к биотическим и абиотическим стрессам. Этот сегмент все еще присутствует во многих важных сортах, используемых в настоящее время. Тем не менее, существует консенсус в отношении того, что практическое использование интрогрессированных генов в развитии превосходных сортов в прошлом было очень ограниченным и требует дальнейшего изучения.

Другой стратегией в этой области является разработка синтетической пшеницы, повторяющая имевшие место в природе межвидовые скрещивания, приведшие к образованию гексаплоидной пшеницы [2]. В этом методе различные образцы видов *T. monococcum*, *T. turgidum* и *Ae. tauschii* можно использовать для формирования новых генетических конституций пшеницы, значительно увеличивая генетическую изменчивость первичного генофонда.

Усовершенствованные технологии обнаружения интрогрессии, такие как высокопроизводительное генотипирование, стимулировали инвестиции в эту область.

Мутагенез

Полиплоидная природа пшеницы дает своего рода буферный эффект, при котором мутации в одном из ее геномов могут быть компенсированы гомологичными генами, маскирующими их действие, что затрудняет их обнаружение. Однако методы TILLING и анализ плавления с высоким разрешением оказались эффективными для обнаружения мутаций в различных геномах гексаплоидной пшеницы.

С 1960 по 2017 год путем мутагенеза в разных странах было получено 256 сортов

пшеницы, зарегистрированных в базе данных ФАО. В этом репозитории описаны все сорта с информацией о том, как были индуцированы мутации, и основное внимание уделяется атрибутам с добавленной стоимостью. Среди многих примеров агрономически важных мутаций можно назвать устойчивость к гербицидам группы имидазолинонов и увеличение содержания амилозы и устойчивости к крахмалу.

Молекулярные маркеры и новые подходы к генотипированию

Использование молекулярных маркеров для картирования QTL и селекции с помощью маркеров (MAS), таких как устойчивость к фузариозной гнили и засухе, расширяется, и накопление данных, полученных за последние десятилетия, позволяет выполнять различные мета-анализы. С 1990-х по 2000-е годы наиболее часто используемыми маркерами были AFLP, RFLP и SSR. Однако недавно произошла революция, когда наука перешла от использования нескольких маркеров, от упомянутых выше типов, к тысячам маркеров однонуклеотидного полиморфизма (SNP) с использованием высокопроизводительных платформ. Кроме того, с помощью генотипирования путем секвенирования, благодаря появлению технологий секвенирования следующего поколения, для пшеницы уже были созданы карты, содержащие от 20 до 450 тыс. локусов [3].

Как и в случае с другими сельскохозяйственными культурами, генетическое картирование также эволюционировало от картирования популяций, полученных в результате скрещивания только двух противоположных родителей, к полногеномным ассоциативным исследованиям (GWAS), в которых в каждом исследовании оцениваются сотни различных доступов, что позволяет собирать более крупный генетический материал. разнообразие и более глубокий взгляд на причинную изменчивость между агрономически интересными фенотипами.

Геномная селекция

Хотя селекция с помощью маркеров (MAS) доказала свою полезность в ряде ситуаций в селекции пшеницы, у нее есть ограничение, состоящее в том, что она может помочь в селекции только нескольких генов или аллелей одновременно. Однако в селекции сельскохозяйственных культур хорошо известно, что большинство агрономических признаков носят количественный характер, регулируются многочисленными генами, большинство из которых очень мало влияют на фенотип. В этом отношении геномная селекция стала решением. Этот подход в конечном итоге направлен на выполнение отбора и прогнозирования племенной ценности только на основе генотипирования, в рамках модели, откалиброванной с учетом фенотипических значений, и с точки зрения всего генома.

Одним из основных критериев оценки эффективности геномной селекции является его точность, т. е. насколько предсказание соответствует реальным фенотипам. В этом подходе преследуется высокая точность, и многие факторы влияют на его значение, такие как наследуемость признака, количество и качество маркеров, принятая статистическая модель и другие. В связи с этим Bassi et al. [4] предложили различные схемы, посвященные внедрению ГС в селекцию пшеницы.

Гибридное разведение

Для некоторых культур, таких как кукуруза и рис, разработка и выращивание гибридных сортов является обычным явлением, не новым и с явными преимуществами по сравнению с выращиванием открытых опыляемых популяций или инбредных линий. Однако для пшеницы менее 1% площади возделывается гибридами. После безуспешных попыток в течение последних десятилетий исследования по созданию и выращиванию гибридов, по-видимому, становятся одним из приоритетов в селекции пшеницы.

Это связано с огромным накоплением знаний и новых технологий, а последние результаты обнадеживают. Использование геномных инструментов для анализа гетерозисного паттерна среди больших групп линий оказалось эффективным для получения высокопродуктивных гибридов, при этом наиболее предпочтительным

методом предсказания является полногеномная селекция. В этом смысле было показано, что несколько гибридов очень выгодны с точки зрения урожайности и устойчивы к болезням, в то время как некоторые трудности, связанные с производством семян, преодолеваются.

Генетическая трансформация

Выращивание трансгенных животных до сих пор является предметом споров в нашем обществе. Его принятие не является единодушным во всем мире по социальным или религиозным причинам. Научные результаты не смогли преодолеть опасения по поводу его потенциального воздействия на здоровье человека. Вот почему не так много записей об использовании трансгенных сортов пшеницы, что не позволяет сравнивать их с такими культурами, как соя, кукуруза или хлопок, даже после 27 лет существования первой трансформированной пшеницы. Однако результаты исследований обнадеживают: получены генотипы с улучшенной устойчивостью к мучнистой росе (*Blumeria graminis*), пятнистости листьев, вызываемой *Bipolaris sorokiniana*, и фузариозной пятнистости кочанов (вызываемой в основном *Fusarium graminearum*). Кроме того, были достигнуты устойчивость к засухе, засолению и замерзанию и даже улучшение хлебопекарных качеств. Другим альтернативным инструментом является создание цисгенных растений, в которых перенесенные гены происходят от одного и того же вида, что, как оказалось, легче принимается обществом. Несмотря на эти соображения, генетическая трансформация была быстро заменена редактированием генома, очень мощным подходом, как описано в следующем разделе.

Редактирование генома

К числу самых последних и многообещающих инноваций в области биотехнологии и селекции растений относится редактирование генома или генов. Этот метод может точно нацелить сегменты генома на модификацию путем делеции, вставки или замены нуклеотидов. У пшеницы, несмотря на большую сложность ее обширного, избыточного и полиплоидного генома, несколько попыток оказались успешными. Даже специальный протокол для этого вида уже установлен с использованием системы CRISPR/Cas9 [5]. Среди наиболее впечатляющих результатов, полученных с помощью этого метода, можно отметить одновременную модификацию трех гомеоаллелей одного и того же гена, т. е. возможность модифицировать этот ген во всех трех различных геномах, демонстрируя точность, которой удалось достичь с помощью этих методов.

Манипуляция мейотической рекомбинацией

Селекция сельскохозяйственных культур в значительной степени зависит от мейотической рекомбинации, которая позволяет рекомбинировать гены/аллели в различных новых генетических композициях, что позволяет отбирать новые улучшенные сорта. У мягкой пшеницы локус *Ph1* является хорошо охарактеризованным регулятором этого процесса, основная роль которого заключается в том, чтобы позволить только гомологичным хромосомам (принадлежащим одному и тому же геному) спариваться и рекомбинировать во время мейоза. В связи с этим существуют мутантные линии, несущие альтернативный аллель для этого локуса, например, *ph1*, который не является функциональным, что позволяет гомологичным хромосомам спариваться и рекомбинировать [6]. Эти гомологичные хромосомы включают в себя хромосомы пшеницы, а также хромосомы видов вторичного и третичного генофондов злаков в процессе генной интрогрессии, что является мощным механизмом для данного подхода. Поскольку другие гены, по-видимому, вносят свой вклад в этот механизм, проводятся другие исследования, чтобы лучше его выяснить.

Скорость разведения

Селекция сельскохозяйственных культур является или была процессом, который требует значительного времени, обычно нескольких лет - как и в случае с пшеницей - до тех пор, пока не будет выведен новый улучшенный сорт. Текущий растущий спрос на продукты питания в сочетании с рядом других факторов, таких как продолжающееся

изменение климата, оказывает давление на размножение, чтобы ускорить процесс. Выращивание сегрегационных линий вне сезона, в разных местах и метод двойных гаплоидов внесли свой вклад в это, но скоростное размножение изменило правила игры и ускорило улучшение растений. Это совсем новый подход, который в конечном счете направлен на сокращение времени выращивания растений, ускорение программ селекции и исследований, в которых пшеница была главенствующей среди нескольких других культур. Он основан на фотопериоде, манипулировании светом и температурой (искусственно) в вегетационных камерах и теплицах и позволяет получать до шести поколений в год - от семени до семени у яровой пшеницы. Этот метод позволяет не только продвигать поколение, но и быстрее фенотипировать многочисленные признаки, такие как время цветения, высота растений и устойчивость к болезням у пшеницы [7].

Высокопроизводительное фенотипирование

Использование высокопроизводительного фенотипирования направлено на оценку нескольких признаков у большого количества растений за короткий период времени. Этот метод состоит из нескольких высокооптимизированных и автоматизированных этапов и возник также в попытке проследить эффективность, достигнутую с помощью генотипирования, в соответствии с растущими требованиями селекции.

Это можно делать в контролируемых условиях, например, в ростовых камерах или теплицах, с использованием роботов, манипулирующих растениями, и фотокамер с датчиками температуры, измерителями CO₂ и весами для взвешивания живых растений. На полевом уровне задачи могут выполнять прицепные или самоходные платформы, дроны или даже спутниковые снимки. После сбора данных проводится дифференцированный анализ, требующий специального программного обеспечения, например, для обработки изображений [8].

Выводы и обсуждение

Подводя итоги вышперечисленного, перед сельским хозяйством стоит задача удовлетворения растущего спроса на продукты питания со стороны постоянно растущего населения мира, а в наши дни в условиях неблагоприятного сценария изменения климата, ограниченной доступности пахотных земель и воды и постоянной эволюции патогенов, среди прочих препятствий. Решающую роль в решении этой задачи играют яровая пшеница и селекция растений.

Селекция способствовала повышению урожайности пшеницы и улучшению многих других характеристик, таких как качество зерна, устойчивость к биотическим стрессам и т. д. Однако в ближайшие несколько десятилетий средний генетический прирост зерновых необходимо удвоить, чтобы удовлетворить глобальный спрос. Таким образом, в программах селекции пшеницы должны постоянно предприниматься попытки по разработке и внедрению улучшенных стратегий.

Классическая селекция, которая в значительной степени основана на скрещивании и фенотипической селекции, была наиболее используемым методом селекции растений во всем мире на протяжении более одного столетия и до сих пор остается основным подходом, ответственным за выпуск наибольшего количества культурных сортов. Этот подход по-прежнему будет применяться в качестве основной или даже уникальной стратегии в течение нескольких лет, особенно в развивающихся странах. Он будет постепенно в известной степени замещаться усовершенствованными методами, опять же сначала в развитых странах, затем в развивающихся. Скрещивания могут быть заменены прямой вставкой интересующего гена путем редактирования гена и фенотипического отбора с помощью геномной селекции. Однако полное исчезновение классической селекции даже представить себе нельзя. Вместо этого в программах разведения, вероятно, будут преобладать комбинированные подходы.

Редактирование генов и геномная селекция — современные передовые подходы в селекции растений. Оба они все еще могут быть улучшены для достижения более эффективных результатов, что, вероятно, произойдет в течение следующего

десятилетия. Однако самое важное «улучшение», которое требуется от этих методов, заключается в снижении их стоимости, что особенно актуально для геномной селекции, поскольку генотипирование по-прежнему значительно дороже. Поскольку наука и техника продолжают двигаться в этом направлении, трудно предсказать, какой прогресс станет доступен для селекционеров через два или три десятилетия.

Список использованных источников

- 1 Rangan P., Furtado A., Henry R. J. New evidence for grain specific C4 photosynthesis in wheat //Scientific reports. – 2016. – Т. 6. – №. 1. – С. 1-12.
- 2 Yang W. et al. Synthetic hexaploid wheat and its utilization for wheat genetic improvement in China //Journal of Genetics and Genomics. – 2009. – Т. 36. – №. 9. – С. 539-546.
- 3 Poland J. A. et al. Development of high-density genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-by-sequencing approach //PloS one. – 2012. – Т. 7. – №. 2. – С. e32253.
- 4 Bassi F. M. et al. Breeding schemes for the implementation of genomic selection in wheat (*Triticum* spp.) //Plant Science. – 2016. – Т. 242. – С. 23-36.
- 5 Shan Q. et al. Genome editing in rice and wheat using the CRISPR/Cas system //Nature protocols. – 2014. – Т. 9. – №. 10. – С. 2395-2410.
- 6 Zhang W. et al. Meiotic Homoeologous Recombination-Based Alien Gene Introgression in the Genomics Era of Wheat //Crop Science. – 2017. – Т. 57. – №. 3. – С. 1189-1198.
- 7 Ghosh S. et al. Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research //Nature protocols. – 2018. – Т. 13. – №. 12. – С. 2944-2963.
- 8 Fahlgren N., Gehan M. A., Baxter I. Lights, camera, action: high-throughput plant phenotyping is ready for a close-up //Current opinion in plant biology. – 2015. – Т. 24. – С. 93-99.