

ISSN: 2658-6266 (Print)

ISSN: 2658-6258 (Online)

БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

5(2), 2022



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО
ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
ВСЕРОССИЙСКИЙ ИНСТИТУТ ГЕНЕТИЧЕСКИХ
РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ ИМЕНИ Н.И. ВАВИЛОВА (ВИР)



THE MINISTRY OF SCIENCE AND HIGHER
EDUCATION OF THE RUSSIAN FEDERATION
FEDERAL RESEARCH CENTER
THE N.I. VAVILOV ALL-RUSSIAN INSTITUTE OF
PLANT GENETIC RESOURCES (VIR)

НАУЧНЫЙ РЕЦЕНЗИРУЕМЫЙ ЖУРНАЛ

БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

2022, 5(2)

ОСНОВАН В 2018 ГОДУ
ПЕРИОДИЧНОСТЬ 4 РАЗА В ГОД

*Для биотехнологов, селекционеров, генетиков,
преподавателей вузов биологического
и сельскохозяйственного профиля.*

e-mail: pbi@vir.nw.ru

190000 Россия, г. Санкт-Петербург,
ул. Б. Морская, 42, 44

© Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР)

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2
УДК: 573.6:631.527

ПИ № ФС 77–74475
ISSN: 2658-6266 (Print)
ISSN: 2658-6258 (Online)

На обложке:

Фотографии хлопчатника (слева направо и вниз):
Gossypium hirsutum L. Линия 13С, 2005 (РФ, Буденновский опорный пункт ВИР);
G. hirsutum L. Arkansas green, k-8139, США, 2006;
G. hirsutum L. k-6085, CBC-81 A1.V.J, 2006 (происх. неизв.);
G. hirsutum L. Линия 11С, 2006 (РФ, Буденновский опорный пункт ВИР);
G. hirsutum L. Линия 23С, 2006 (РФ, Буденновский опорный пункт ВИР);
G. arboreum L. k-6689, Rg-3, США, 2007 (РФ, Буденновский опорный пункт ВИР).

Фотографии предоставлены ведущим научным сотрудником ВИР,
кандидатом биологических наук Ларисой Петровной Подольной.

SCIENTIFIC PEER REVIEWED JOURNAL

PLANT BIOTECHNOLOGY AND BREEDING

2022, 5(2)

FOUNDED IN 2018
PUBLISHED 4 TIMES ANNUALLY

*Addressed to biotechnologists, geneticists,
plant breeders and lecturers of biological
and agricultural universities and colleges.*

e-mail: pbi@vir.nw.ru

42, 44 Bolshaya Morskaya Street,
St. Petersburg 190000, Russia

© Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute
of Plant Genetic Resources (VIR)

Cover photo:

Images of cotton (from left to right, downwards)
Gossypium hirsutum L. Line 13C, 2005 (Russian Federation, Budyonovsk experiment
site of the Vavilov Institute);
G. hirsutum L. Arkansas green, k-8139, USA, 2006;
G. hirsutum L. k-6085, CBC-81 A1.V.J, 2006 (unknown origin);
G. hirsutum L. Line 11C, 2006 (Russian Federation, Budyonovsk experiment site of the Vavilov Institute);
G. hirsutum L. Line 23C, 2006 (Russian Federation, Budyonovsk experiment site of the Vavilov Institute);
G. arboreum L. k-6689, Rg-3, USA, 2007 (Russian Federation, Budyonovsk experiment
site of the Vavilov Institute).

Photographs courtesy of Larissa P. Podolnaya, PhD. (Biol.), Leading Researcher, VIR

Биотехнология и селекция растений

2022 Том 5 № 2

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2
<https://biosel.elpub.ru>

Научный рецензируемый журнал
Издается с 2018 г.

Издание зарегистрировано Федеральной службой по надзору в сфере связи,
информационных технологий и массовых коммуникаций (Роскомнадзор)

Свидетельство о регистрации СМИ: ПИ № ФС 77 - 74475 от 30.11.2018

Учредитель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

«Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова»

Главный редактор:

Е. К. Хлесткина – д.б.н., профессор РАН

Заместители главного редактора:

Т. А. Гавриленко – д.б.н.

И. Н. Анисимова – д.б.н.

Л. Ю. Новикова – д.с.-х.н.

Ответственный секретарь:

И. В. Варганова

Редакционный совет:

О. С. Афанасенко – д.б.н., академик РАН (Россия)
Г. А. Баталова – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Р. К. Берсимбаев – д.б.н., академик НАН РК (Казахстан)
Л. А. Беспалова – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
А. И. Грабовец – д.с.-х.н., чл.-корр. РАН (Россия)
С. И. Гриб – д.с.-х.н., академик НАНБ (Беларусь)
Е. А. Егоров – д.э.н., академик РАН (Россия)
В. Г. Еремин – д.с.-х.н., профессор РАН (Россия)
Г. В. Еремин – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Г. И. Карлов – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
А. В. Кильчевский – д.б.н., академик НАНБ (Беларусь)
Н. А. Колчанов – д.б.н., академик РАН (Россия)
В. Н. Корзун – д-р (Германия)
А. В. Кочетов – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
Н. В. Кухарчик – д.с.-х.н. (Беларусь)
В. М. Лукомец – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Л. А. Лутова – д.б.н. (Россия)
С. Мишева – д-р (Болгария)
А. И. Моргун – д-р (Турция)
В. Ройчев – д.с.-х.н. (Болгария)
А. А. Романенко – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
А. В. Рындин – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Е. Н. Седов – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
И. А. Тихонович – д.б.н., академик РАН (Россия)
П. Н. Харченко – д.б.н., академик РАН (Россия)
Л. В. Хотылева – д.б.н., академик НАНБ (Беларусь)
В. К. Шумный – д.б.н., академик РАН (Россия)

Редакционная коллегия:

Е. Е. Андронов – к.б.н. (Россия)
Д. А. Афонников – к.б.н. (Россия)
А. Х. Баймиев – д.б.н. (Россия)
И. А. Белан – к.с.-х.н. (Россия)
А. Г. Беседин – к.с.-х.н. (Россия)
М. А. Вишнякова – д.б.н. (Россия)
В. А. Гаврилова – д.б.н. (Россия)
С. В. Гаркуша – д.с.-х.н. (Россия)
Т. А. Гасанова – к.с.-х.н. (Россия)
С. В. Герасимова – к.б.н. (Россия)
М. С. Гинс – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
С. В. Гончаров – д.б.н. (Россия)
Р. О. Давоян – д.б.н. (Россия)
Я. Н. Демури – д.б.н. (Россия)
М. Г. Дивашук – к.б.н. (Россия)
С. Н. Еланский – д.б.н. (Россия)
О. В. Еремина – д.с.-х.н. (Россия)
А. П. Ермишин – д.б.н. (Беларусь)
М. В. Ефимова – к.б.н. (Россия)
Р. Ш. Заремук – д.с.-х.н. (Россия)
С. В. Зеленцов – д.с.-х.н., чл.-корр. РАН (Россия)
Е. Т. Ильницкая – к.б.н. (Россия)
Р. Н. Календарь – к.б.н. (Казахстан)
Н. Н. Карпун – к.б.н. (Россия)
В. С. Ковалев – д.с.-х.н. (Россия)
Н. Н. Коваленко – д.б.н. (Россия)
Е. З. Кочиева – д.б.н. (Россия)
Б. Р. Кулуев – д.б.н. (Россия)
К. У. Куркиев – д.б.н. (Россия)
С. В. Кушнаренко – к.б.н. (Казахстан)
И. Н. Леонова – д.б.н. (Россия)
И. Е. Лихенко – д.с.-х.н. (Россия)
В. В. Лиховской – д.с.-х.н. (Россия)
П. Н. Мальчиков – д.с.-х.н. (Россия)
Т. В. Матвеева – д.б.н. (Россия)
Н. В. Мироненко – д.б.н. (Россия)
И. В. Митрофанова – д.б.н. (Россия)
Е. И. Михайлова – д.б.н. (Россия)
С. В. Осипова – д.б.н. (Россия)
В. Н. Подорожный – к.с.-х.н. (Россия)
Т. Г. Причко – д.с.-х.н. (Россия)
Т. А. Рожмина – д.б.н. (Россия)
А. В. Смыков – д.с.-х.н. (Россия)
А. А. Соловьев – д.б.н., профессор РАН (Россия)
И. И. Супрун – к.б.н. (Россия)
Е. К. Турусбеков – к.б.н. (Казахстан)
Е. В. Ульяновская – д.с.-х.н. (Россия)
О. Ю. Урбанович – д.б.н. (Беларусь)
Ю. В. Фотев – к.с.-х.н. (Россия)
Э. Б. Хатефов – д.б.н. (Россия)
Я. А. Цепилов – к.б.н. (Россия)
М. Н. Шаптуренко – д.б.н. (Беларусь)
О. Ю. Шоева – к.б.н. (Россия)
Л. А. Эльконин – д.б.н. (Россия)
Г. В. Якуба – к.б.н. (Россия)

Plant Biotechnology and Breeding

2022 Volume 5 No 2
DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2
<https://biosel.elpub.ru>

Scientific Peer Reviewed Journal

Founded in 2018

Founder: Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources

Editor-in-Chief:

E. K. Khlestkina – Dr. Sci. in Biol., Professor.

Deputy Editors-in-Chief:

T. A. Gavrilenko – Dr. Sci. in Biol.

I. N. Anisimova – Dr. Sci. in Biol.

L. Yu. Novikova – Dr. Sci. in Agricul.

Executive Secretary:

I. V. Varganova

Editorial council:

O. S. Afanasenko – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
G. A. Batalova – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
R. K. Bersimbaev – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the NAS RK (Kazakhstan)
L. A. Bespalova – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
E. A. Egorov – Dr. Sci. in Econ., Full Member of the RAS (Russia)
G. V. Eremin – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. G. Eremin – Dr. Sci. in Agricul., Professor (Russia)
A. I. Grabovets – Dr. Sci. in Agricul., Corr. Member of the RAS (Russia)
S. I. Grib – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the NAS of Belarus (Belarus)
G. I. Karlov – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
P. N. Kharchenko – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
L. V. Khotyleva – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the NAS of Belarus (Belarus)
A. V. Kilchevsky – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the NAS of Belarus (Belarus)
A. V. Kochetov – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
N. A. Kolchanov – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
V. N. Korzun – Dr. (Germany)
N. V. Kukharchik – Dr. Sci. in Agricul. (Belarus)
V. M. Lukomets – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
L. A. Lutova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. Misheva – Dr. (Bulgaria)
A. I. Morgunov – Dr. (Turkey)
A. A. Romanenko – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
A. V. Ryndin – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. Roychev – Dr. Sci. in Agricul. (Bulgaria)
E. N. Sedov – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. K. Shumny – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
I. A. Tikhonovich – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)

Editorial board:

D. A. Afonnikov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
E. E. Andronov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
A. H. Bajmiev – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. A. Belan – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
A. G. Besedin – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
R. O. Davoyan – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
Ya. N. Demurin – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
M. G. Divashuk – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
M. V. Efimova – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
S. N. Elansky – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
L. A. Elkonin – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
O. V. Eremina – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
A. P. Ermishin – Dr. Sci. in Biol. (Belarus)
Yu. V. Fotev – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
S. V. Garkusha – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. A. Gasanova – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
V. A. Gavrilova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Gerasimova – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
M. S. Gins – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
S. V. Goncharov – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. T. Ilnitskaya – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
R. N. Kalendar – Cand. Sci. in Biol. (Kazakhstan)
N. N. Karpun – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
E. B. Khatefov – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. Z. Kochieva – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
N. N. Kovalenko – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
V. S. Kovalev – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
B. R. Kuluev – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
K. U. Kurkiv – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Kushnarenko – Cand. Sci. in Biol. (Kazakhstan)
I. N. Leonova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. E. Lihenko – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
V. V. Likhovskoi – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
P. N. Malchikov – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. V. Matveeva – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
N. V. Mironenko – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. V. Mitrofanova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. I. Mikhailova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Osipova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
V. N. Podorozhniy – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
T. G. Prichko – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. A. Rozhmina – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
M. N. Shapturenko – Dr. Sci. Biology (Belarus)
O. Yu. Shoeva – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
A. V. Smykov – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
A. A. Soloviev – Dr. Sci. in Biol., Professor (Russia)
I. I. Suprun – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
Ya. A. Tsepilov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
E. K. Turuspekov – Cand. Sci. in Biol.
E. V. Ulyanovskaya – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
O. Yu. Urbanovich – Dr. Sci. in Biol. (Belarus)
M. A. Vishnyakova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
G. V. Yakuba – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
R. Sh. Zaremuk – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
S. V. Zelentsov – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)

СОДЕРЖАНИЕ

ОТ ГЛАВНОГО РЕДАКТОРА	4
<i>Хлесткина Е. К.</i> ВСТУПИТЕЛЬНАЯ СТАТЬЯ	
ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ	5
<i>М. А. Вишнякова, Е. А. Крылова</i> <i>Обзорная статья</i> ПЕРСПЕКТИВЫ ПОЛУЧЕНИЯ НИЗКОАЛКАЛОИДНЫХ И АДАПТИВНЫХ ФОРМ ЛЮПИНА УЗКОЛИСТНОГО НА ОСНОВЕ ГЕНОМНЫХ И ТРАНСКРИПТОМНЫХ РЕСУРСОВ ВИДА	
<i>Н. М. Коваленко, Е. Л. Шайдаюк, Е. И. Гультаева</i> <i>Научная статья</i> ХАРАКТЕРИСТИКА УСТОЙЧИВОСТИ РАЙОНИРОВАННЫХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ К ВОЗБУДИТЕЛЮ ЖЕЛТОЙ ПЯТНИСТОСТИ	15
МЕТОДЫ БИОТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ И СЕМЕНОВОДСТВЕ РАСТЕНИЙ	25
<i>К. В. Смирнов, Т. В. Матвеева, Л. А. Лутова</i> <i>Обзорная статья</i> ГЕННАЯ ИНЖЕНЕРИЯ ХЛОПЧАТНИКА: СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ	
КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ	38
<i>И. А. Тихонович, Д. В. Гельтман, Н. С. Чернецов, Н. А. Михайлова, А. С. Глотов, В. К. Хлесткин, Ю. В. Ухатова, А. А. Заварзин, А. А. Нижников, Е. К. Хлесткина</i> ОБ ИТОГАХ ПЕРВОГО НАУЧНОГО ФОРУМА «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ»: ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ, НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ И НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ БИОРЕСУРСНЫХ КОЛЛЕКЦИЙ	
<i>Хлесткина Е.К., Захарова М.В., Нижников А.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Заварзин А.А., Мохов А.А., Тихонович И.А.</i> ПЕРВЫЙ НАУЧНЫЙ ФОРУМ «ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РОССИИ» - О ПРАВОВОМ РЕГУЛИРОВАНИИ В СФЕРЕ БИОРЕСУРСОВ И БИОЛОГИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ	48

CONTENTS

FROM THE EDITOR IN CHIEF	4
<i>Khlestkina E. K.</i> INTRODUCTORY ARTICLE	
STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS	5
<i>Margarita A. Vishnyakova, Ekaterina A. Krylova</i> <i>Review article</i> PROSPECTS FOR OBTAINING LOW- ALKALOID AND ADAPTIVE FORMS OF NARROW-LEAFED LUPINE BASED ON THE GENOME AND TRANSCRIPTOME RESOURCES OF THE SPECIES	
<i>Nadezhda M. Kovalenko, Ekaterina L. Shaydayuk, Elena I. Gultyayeva</i> <i>Original article</i> CHARACTERIZATION OF COMMERCIAL COMMON WHEAT CULTIVARS FOR RESISTANCE TO TAN SPOT CAUSATIVE AGENT	15
BIOTECHNOLOGY METHODS IN PLANT BREEDING AND SEED PRODUCTION	25
<i>Kirill V. Smirnov, Tatiana V. Matveeva, Ludmila A. Lutova</i> <i>Review article</i> GENETIC ENGINEERING OF COTTON: CURRENT STATUS AND PERSPECTIVES	
BRIEF COMMUNICATIONS	38
<i>Igor A. Tikhonovich, Dmitry V. Geltman, Nikita S. Chernetsov, Natalia A. Mikhailova, Andrey S. Glotov, Vadim K. Khlestkin, Yulia V. Ukhatova, Alexey A. Zavarzin, Anton A. Nizhnikov, Elena K. Khlestkina</i> ON THE RESULTS OF THE FIRST SCIENTIFIC FORUM «GENETIC RESOURCES OF RUSSIA»: PROSPECTS FOR DEVELOPMENT, RESEARCH AND PRACTICAL POTENTIAL OF BIO-COLLECTIONS	
<i>Khlestkina E.K., Zakharova M.V., Nizhnikov A.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Zavarzin A.A., Mokhov A.A., Tikhonovich I.A.</i> THE FIRST SCIENTIFIC FORUM «GENETIC RESOURCES OF RUSSIA» - ON LEGAL REGULATION IN THE FIELD OF BIORESOURCES AND BIOLOGICAL COLLECTIONS	48



Уважаемые читатели!

В данном выпуске журнала мы представляем вашему вниманию статьи, посвященные развитию работ, связанных с использованием современных методов селекции и биотехнологии с целью улучшения различных культур по широкому спектру признаков – начиная с устойчивости к биотическим стрессорам (пшеница, хлопчатник, люпин узколистный) и заканчивая улучшением потребительских свойств (хлопчатник, люпин узколистный). Во всех случаях это работы с отдельными генами-мишенями – от выявления новых генов-кандидатов, до генодиагностики и направленного изменения генов/внесения трансгенов.

В работе исследователей из Всероссийского НИИ защиты растений представлены результаты характеристики районированных сортов пшеницы мягкой относительно устойчивости к опасному заболеванию – пиренофорозу – на основании оценки при помощи диагностического ДНК-маркера и фитопатологического тестирования. Сделано заключение о значительной доле устойчивых сортов среди селекционных достижений, внесенных в Государственный реестр в 2018-2020 годах: в зависимости от тестируемого изолята доля устойчивых сортов варьировала в сортименте озимой пшеницы от 26 до 59%, яровой – от 45 до 52%. По итогам работы рекомендованы генотипы для использования в качестве доноров в селекции пшеницы на устойчивость к возбудителю желтой пятнистости.

В обзорной статье исследователей из СПбГУ охарактеризовано современное состояние и перспективы генной инженерии хлопчатника, рассмотрены основные достижения практического использования разработок в этой области, которые, по мнению авторов, способствовали улучшению экологических, социальных и экономических аспектов возделывания данной культуры. Проанализированы существующие подходы получения трансгенных линий хлопчатника, включая новые инновационные методы трансформации.

В обзорной статье исследователей из ВИР рассмотрены перспективы получения низкоалкалоидных, но при этом адаптивных форм люпина узколистного на основе знаний, полученных при помощи геномных и постгеномных методов анализа. В природе такие формы отсутствуют, однако накопленный ресурс позволил идентифицировать факторы, направленное изменение которых, как предполагается, позволит контролировать низкое содержание токсичных веществ в семенах, при остающемся высоком содержании алкалоидов в вегетативной массе.

Текущий выпуск также содержит два кратких сообщения о Первом научном форуме «Генетические ресурсы России», который состоялся в Санкт-Петербурге в июне 2022 года и собрал в очном и дистанционном формате более 500 специалистов из почти 50 регионов Российской Федерации, ведущих исследования в сфере сохранения и изучения биологических коллекций по различным направлениям, включая деятельность в сфере генетических ресурсов растений. Представлены итоги работы Форума и две его резолюции: во-первых, рекомендации Форума в сфере правового регулирования деятельности биологических коллекций и биоресурсных центров и, во-вторых, рекомендации, касающиеся перспективы развития, научно-исследовательского и научно-практического потенциала биологических коллекций.

*Главный редактор,
профессор РАН
Е.К. Хлесткина*

Обзорная статья
УДК 633.367.2:631.526.32:577.21
DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-01



Перспективы получения низкоалкалоидных и адаптивных форм люпина узколистного на основе геномных и транскриптомных ресурсов вида

М. А. Вишнякова, Е. А. Крылова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Маргарита Афанасьевна Вишнякова, m.vishnyakova.vir@gmail.com

Люпин узколистный (*Lupinus angustifolius* L.) называют культурой нереализованных возможностей. Продовольственный и кормовой потенциал вида не используется в полном масштабе из-за наличия в растениях хинолизидиновых алкалоидов (ХА) – вторичных метаболитов, которые придают горечь семенам и токсичны для людей и животных. Созданные за последние 50-60 лет сорта с низким содержанием ХА (“сладкие”) оказались более подвержены повреждениям со стороны сосущих насекомых и переносимых ими вирусов, чем высокоалкалоидные (“горькие”). На основе стремительно развивающихся геномных и транскриптомных ресурсов люпина узколистного выявлены молекулярно-генетические детерминанты биосинтеза алкалоидов в растениях и особенности этого биосинтеза: алкалоиды образуются в вегетативных органах растения и затем транспортируются в семена. Эти факты дали основание предложить создание “горько-сладких” форм с высоким содержанием алкалоидов в вегетативных частях растения, что позволяет снизить атаки патогенов, и минимальным в семенах. В настоящем обзоре обобщены имеющиеся предпосылки получения таких форм люпина узколистного на основе современных научных достижений. Приведены сведения о создании насыщенных генетических карт вида, в которые интегрирован локус *iuscundus* (*ius*), определяющий общее низкое содержание алкалоидов в семенах и используемый в селекционных программах. Секвенирование нового поколения позволило идентифицировать ген *RAP2-7*, кодирующий фактор транскрипции APETALA2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR, сцепленный с локусом *ius* и расположенный в области с главными QTLs, влияющими на состав ХА. Это – вероятный ген-кандидат регуляции содержания алкалоидов в семенах люпина узколистного. Стали известны начальные этапы биосинтеза ХА и регулирующие его факторы. Осуществлены две эталонные сборки генома люпина узколистного. Все эти достижения представляют собой весомый ресурс для создания форм люпина узколистного, отсутствующих в природе, то есть с высоким содержанием алкалоидов в вегетативной массе и низким в семенах.

Ключевые слова: люпин узколистный, хинолизидиновые алкалоиды, биосинтез, геном, транскриптомное профилирование

Благодарности: Работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 20-016-00072-А) и бюджетного проекта № 0481-2022-0002 «Выявление возможностей генофонда бобовых культур для оптимизации их селекции и диверсификации использования в различных отраслях народного хозяйства».

Для цитирования: Вишнякова М.А., Крылова Е.А. Перспективы получения низкоалкалоидных и адаптивных форм люпина узколистного на основе геномных и транскриптомных ресурсов вида. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):5-14. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-01

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Вишнякова М.А., Крылова Е.А., 2022

Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-01

Prospects for obtaining low-alkaloid and adaptive forms of narrow-leaved lupine based on the genome and transcriptome resources of the species

Margarita A. Vishnyakova, Ekaterina A. Krylova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Corresponding author: Margarita A. Vishnyakova, m.vishnyakova.vir@gmail.com

The narrow-leaved lupine (*Lupinus angustifolius* L.) is considered as a crop of untapped opportunities. The food and forage potential of the species is not fully exploited due to the presence of quinolizidine alkaloids (QA) in plants, which are secondary metabolites that make the seeds bitter and toxic to humans and animals. Varieties with a low content of QA ("sweet" varieties) created over the last 50-60 years turned out to be more susceptible to damage by sucking insects and insect-transmitted viruses than high alkaloid ones ("bitter" varieties). Based on the rapidly developing genomic, transcriptomic and metabolomic profiling of the species, some molecular determinants and features of alkaloid biosynthesis in narrow-leaved lupine plants have been identified: alkaloids are formed in the vegetative organs of the plant and then transported to the seeds. This information substantiated the creation of "bitter-sweet" forms with a high content of alkaloids in the vegetative parts of the plant, which would make it possible to reduce the attack of pathogens, and a minimal content of alkaloids in the seeds. This review summarizes the existing prerequisites for obtaining such forms of narrow-leaved lupine on the basis of the available scientific developments. Information on the creation of saturated genetic maps of the species, in which the *iucundus* (*iuc*) locus determining the overall low alkaloid content in seeds is integrated and is used in breeding programs. The use of the new generation sequencing allowed the identification of the *RAP2-7* gene, encoding the transcription factor APETALA2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR, which is coupled to the *iuc* locus and located in the area with the main QTLs that affect the composition of the QA. It is a likely candidate gene for regulating alkaloid content in narrow-leaved lupine seeds. The initial stages of QA biosynthesis and its regulatory factors have been revealed. Two reference assemblies of the genome of narrow-leaved lupine have been carried out. All these achievements constitute a valuable resource for the creation of forms of narrow-leaved lupine with a high content of alkaloids in the vegetative mass and low in the seeds, which are absent in nature.

Keywords: narrow-leaved lupine, quinolizidine alkaloids (QA), biosynthesis, genome, transcriptome profiling

Acknowledgments: The work was carried out with the support of the Russian Foundation for Basic Research (Project No. 20-016-00072-A) and budget project No. 0481-2022-0002 "Identification of the possibilities of legume crop genetic diversity to optimize their breeding and diversify uses in various sectors of the national economy".

For citation: Vishnyakova M.A., Krylova E.A. Prospects for obtaining low-alkaloid and adaptive forms of narrow-leaved lupine based on the genome and transcriptome resources of the species. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):5-14. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-01

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the author, and his or her employer.

© Vishnyakova M.A., Krylova E.A., 2022

Введение

Люпин узколистный (*Lupinus angustifolius* L., Fabaceae Lindl.) – широко производимый в мире вид люпина, который рассматривают как один из наиболее перспективных источников растительного белка. В Западной Европе при анализе агрономических достоинств, перспектив быстрого улучшения, выхода и качества белка, технологических аспектов, функциональных и питательных свойств у восьми сельскохозяйственных культур, люпин и горох получили преимущество над картофелем, тритикале, люцерной и другими (Linnemann, Dijkstra, 2002; Dijkstra et al., 2003).

Люпин узколистный – культура многопрофильного использования: кормовая, сидеральная, техническая и продовольственная. Последние два направления пока недостаточно развиты как в мире, так и в Российской Федерации (РФ). Техническое – в силу слабого развития соответствующих технологий переработки; продовольственное лимитируется наличием в растениях хинолизидиновых алкалоидов (ХА), которые придают горечь семенам и токсичны для людей и животных. В течение столетий при скормливания животным семена люпина вымачивали в воде при неоднократной ее смене для извлечения алкалоидов (Vishnyakova et al., 2020).

В процессе domestikации люпина узколистного, которая насчитывает менее 100 лет, открыты гены основных признаков, отличающих культуру от диких форм. Ключевой признак, который определил окультуривание вида в качестве кормового и продовольственного растения в 1930-х годах – отсутствие в семенах и вегетативной массе ХА (Sengbusch, 1942). Были описаны спонтанные рецессивные мутации *iucundus*, *esculentus* и *depressus*, которые при скрещиваниях наследуются независимо друг от друга с четким моногенным расщеплением 1:3 во втором поколении гибридов (Sengbusch, 1942; Gustafsson, Gadd, 1965). Позднее был идентифицирован еще ген *tantalus* у безалкалоидного мутанта, полученного путем обработки семян рентгеновскими лучами (Zachow, 1967). Следует отметить, что только одна мутация *iuc* (*iucundus*) из четырех известных, определяющих общее низкое содержание алкалоидов у люпина узколистного, используется в селекционных программах (Gladstones, 1970).

Как в РФ, так и за рубежом усилия селекционеров привели к созданию множества низкоалкалоидных (“сладких”) сортов люпина узколистного, у которых достигнут уровень предельно допустимой концентрации (ПДК) алкалоидов для использования в качестве продовольственной культуры – не более 0,02% от сухой массы семян во многих зарубежных странах (Frick et al., 2017) и 0,04% в РФ согласно существующим техническим условиям, разработанным во ВНИИ люпина¹ (ТУ-9716004-0068502-2008).

Однако, приобретая хозяйственно ценное преиму-

щество перед дикими растениями, культурные формы заплатились адаптивностью, а именно устойчивостью к поражению представителями патогенной флоры и фауны (Wink et al., 1995). Доказано резкое снижение устойчивости к поражению тлями и переносимыми ими вирусами у низкоалкалоидных форм по сравнению с высокоалкалоидными (Berlandier, 1996; Wang et al., 2000; Adhikari et al., 2012).

После получения первых доказательств того, что ХА синтезируются в листьях и затем транспортируются в семена, было выдвинуто оригинальное предложение – создание “горько-сладких форм”, сочетающих в себе горечь вегетативной массы как средство защиты от вредителей и низкое содержание алкалоидов в семенах (Wink, 1990; 1993; Wink et al., 1995).

Достижение желаемого результата – получение низкоалкалоидных и устойчивых к патогенам форм – возможно только посредством выяснения молекулярных механизмов, определяющих синтез ХА, а также познанием лежащей в его основе регуляции.

Данный обзор посвящен современным представлениям о биосинтезе ХА у люпина узколистного и о детерминирующих этот процесс молекулярно-генетических факторах, определяющих перспективы получения адаптивных форм с низким содержанием алкалоидов в семенах. Акцент сделан только на один из ряда важных признаков, обеспечивших domestikацию вида в силу его признанного приоритета в процессе окультуривания люпина и первостепенного значения для использования культуры в продовольственных целях.

Алкалоиды люпина узколистного

Хинолизидиновые алкалоиды специфичны для рода *Lupinus* и ряда других родов бобовых. Это вторичные метаболиты – производные лизина, содержащие в молекуле ядро гетероциклического соединения хинолизидина. Большая часть из них имеет состав $C_{15}H_xNO_2$, где $x = 20, 22, 24$ и 26 (Wink et al., 1995). Разные виды люпина имеют свой уникальный алкалоидный профиль. Обычно он состоит из четырех-пяти основных и нескольких минорных алкалоидов. Качественный состав алкалоидов используют для уточнения таксономии видов (Frick et al., 2017). Для всех видов люпина свойственно высокое содержание алкалоидов в семенах (до 4% от сухой массы) и меньшее – в вегетативной массе (до 1,5% от сухой массы). Для люпина узколистного характерны следующие основные ХА (с уровнями $\geq 1\%$ от общего количества): люпанин, 13 α -гидроксилюпанин, спартеин, изолюпанин и ангустифолин (Wink et al., 1995; Kushnareva et al., 2020). Люпанин составляет 65–75 % от общего количества алкалоидов, ангустифолин и 13-гидроксилюпанин по 10–15 %. Спартеин и люпанин встречаются в минорных количествах (Blaschek et al., 2016). По ток-

¹ ФГБНУ «Федеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии им. В.Р. Вильямса», Всероссийский научно-исследовательский институт люпина (ВНИИ люпина)

сичности наиболее опасны спартеин и люпанин, далее по убывающей – изолюпанин, 13 α -гидроксилюпанин, ангустифолин (Allen, 1998).

Изменчивость как суммарного содержания, так и отдельных алкалоидов в семенах люпина узколистного в зависимости от условий произрастания неоднократно отражена в научной литературе (Cowling, Tarr, 2004; Reinhard et al., 2006). Даже в низкоалкалоидных сортах их содержание в разных условиях может варьировать в довольно широких пределах, вплоть до превышающих ПДК (Romanchuk, Anokhina, 2018). Качественный состав высоко- и низкоалкалоидных форм идентичен, однако относительное содержание отдельных алкалоидов различно. Пятилетние наблюдения за соотношением отдельных алкалоидов у группы образцов люпина узколистного показали, что низкоалкалоидные образцы имели сравнительно высокую концентрацию изолюпанина, в то время как высокоалкалоидные – более высокую концентрацию ангустифолина. Сравнительно одинаковым было содержание 13 α -гидроксилюпанина и люпанина. Идентифицированы 47 локусов количественных признаков (QTLs), оказывающих влияние на суммарное содержание ХА и соотношение индивидуальных компонентов (Kroc et al., 2019b).

Время и место биосинтеза алкалоидов у люпина узколистного

Многолетнее изучение биосинтеза алкалоидов у люпина узколистного не привело к единому мнению о месте их первоначального синтеза. Очевидно только, что подавляющая часть ХА образуется в зеленых надземных тканях (Frick et al., 2017) с небольшим вкладом корней (Lee et al., 2007). Довольно устойчиво представление о синтезе алкалоидов в хлоропластах листьев (Bunsupa et al., 2012a). Хлоропласты считаются местом синтеза лизина, предшественника ХА, и ключевым местом активности лизин-декарбоксилазы (LDC) – первого фермента в цепи синтеза ХА. После синтеза ХА перемещаются в репродуктивные органы по флоэме (Wink et al., 1995; Lee et al., 2007). Картина синтеза ХА у люпина

узколистного пока фрагментарна. Относительно хорошо изучены только самые первые его этапы в отличие от довольно полного представления о механизмах синтеза некоторых экономически важных алкалоидов других видов растений, например, никотина в *Nicotiana tabacum* L., морфина в *Papaver somniferum* L. и в некоторых других. У этих видов идентифицированы многие гены, кодирующие метаболиты, участвующие в биосинтезе алкалоидов, факторы транскрипции и транспортеры, а также идентифицированы ферменты и промежуточные пути синтеза (Dewey, Xie, 2013; Nagel, Facchini, 2013; Beaudoin, Facchini, 2014). На основании этих данных, а также результатов транскриптомного профилирования выявлены принципиальные аспекты биосинтеза ХА у люпина узколистного. В хлоропластах лизин-декарбоксилаза (ген *LDC*) декарбоксилирует лизин в кадаверин (Bunsupa et al., 2012a). Фермент второго этапа до недавнего времени только постулировали (Рисунок), а дальнейшие трансформации метаболитов у люпина узколистного еще недавно называли «черным ящиком» биохимии растений (Yang et al., 2017).

Секвенирование РНК из восьми различных тканей люпина узколистного позволило идентифицировать 33 гена с паттернами экспрессии, схожими с *LDC*. Эти гены рассматриваются как возможные кандидаты детерминации транспортеров и регуляторов в биосинтезе алкалоидов люпина узколистного. Один из генов кодирует медьсодержащую аминоксидазу, которую назвали кадавериноксидазой (CAO), поскольку она способна превращать продукт *LDC* кадаверин в Δ^1 -пиперидин, что показано гетерологичной экспрессией и анализами ферментативной активности белков. Таким образом, был открыт ген *LaCAO*, кодирующий фермент второго этапа биосинтеза люпина узколистного (Yang et al., 2017). Далее по мере присоединения различных функциональных групп происходят дальнейшие преобразования и возникают конечные продукты синтеза ХА, а также их транспортные и запасные формы – возможно в виде эфиров (Facchini, St-Pierre, 2005; Bunsupa et al., 2012b; Frick et al., 2017; Yang et al., 2017).

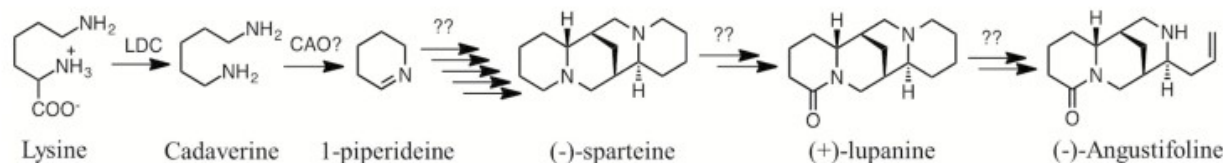


Рисунок. Основной путь биосинтеза ХА у люпина узколистного.

LDC – лизин декарбоксилаза, CAO – кадавериноксидаза (по Yang et al., 2017).

Figure. Core pathway towards the tetracyclic QAs in narrow-leaved lupin.

LDC – lysine decarboxylase, CAO – cadaverine oxydase (from Yang et al., 2017).

Профилирование транскриптома в различных тканях растения представляется довольно значительным шагом к дальнейшему открытию ферментов, транспортеров и регуляторов, участвующих в биосинтезе алкалоидов люпина узколистного.

Обнаружено, что в низкоалкалоидных образцах по сравнению с высокоалкалоидными значительно ниже уровень экспрессии генов *LDC* и *LaAT*. Ген *LaAT* представляет собой ортолог гена ацетилтрансферазы, участвующий в образовании сложных эфиров ХА и других конъюгатов, связанных с их синтезом (Bunsupa et al., 2012b). Иными словами, начальный этап биосинтеза ХА и некоторые последующие стадии не подвергаются блокировке на уровне транскрипции в “сладких” генотипах, как предполагали изначально (Hirai et al., 2000). Наблюдаемый низкий уровень экспрессии *LDC* в “сладких” генотипах предполагает, что биосинтез ХА регулируется на начальном этапе декарбоксилирования лизина, тогда как качественные различия в составе ХА у низко- и высокоалкалоидных форм, о которых говорилось выше, происходят за счет дополнительных этапов регуляции в процессе биосинтеза ХА (Kamphuis et al., 2021).

Геномные и транскриптомные ресурсы люпина узколистного

Впечатляющий успех в изучении, мобилизации генетических ресурсов вида и умножении его геномных ресурсов достигнут в Австралии, которая является мировым лидером производства и экспорта зерна люпина узколистного на мировой рынок (Vishnyakova et al., 2020). В Европе лидеры развития геномных технологий вида – ученые Польши, где люпин узколистный производится в значительных масштабах (Prusiński, 2007). Возрастающее внимание к этой культуре и фундаментальным аспектам ее биологии уделяют и в ряде других стран Европы.

В течение двух последних десятилетий люпин узколистный стал одной из зернобобовых культур, исследования геномных ресурсов которой получили мощное развитие. Начало этому положило создание библиотек фрагментов экспрессируемых последовательностей (EST) (Nelson et al., 2006; 2010; Kroc et al., 2014; Fischer et al., 2015). EST использовали преимущественно для разработки ген-специфичных молекулярных маркеров.

С появлением методов секвенирования нового поколения библиотеки EST были заменены данными секвенирования РНК (RNAseq). В последние годы метод RNAseq активно используется для идентификации генов-кандидатов, кодирующих ферменты биосинтеза различных классов алкалоидов (Cárdenas et al., 2016; Rai et al., 2014). Транскриптомный анализ тканей люпина узколистного в огромной степени способствовал определению локализации синтеза и путей транспорта ХА в его растениях.

Первое исследование транскриптома люпина узколистного было осуществлено для тканей пяти органов

растения (корень, стебель, лист, цветок и семя) двух низкоалкалоидных австралийских сортов ‘Tanjil’ и ‘Unicrop’ и высокоалкалоидного дикого образца P27255. Эти данные были использованы для предсказания *in silico* ген-специфичных молекулярных SNP-маркеров, равномерно распределенных по геному люпина узколистного (Kamphuis et al., 2015). В результате исследования были идентифицированы полиморфные инсерции/делеции, а также однонуклеотидные замены, что позволило значительно увеличить насыщенность генетических карт люпина узколистного. По данным транскриптомного анализа были выделены гены-кандидаты, отвечающие за признаки, которые способствовали доместикации, в частности за содержание алкалоидов (Kamphuis et al., 2015; Hane et al., 2017).

Сравнительный анализ дифференциальной экспрессии генов у выборки “горьких” и “сладких” образцов выявил 13 генов, продукты которых предположительно вовлечены в синтез ХА (Kamel et al., 2015). В последующем по результатам транскриптомного анализа листьев высоко- и низкоалкалоидных образцов люпина узколистного выделено 12 генов-кандидатов, связанных с биосинтезом ХА. Анализ сцепления позволил оценить расположение этих генов по отношению к локусу *iucundus*. Картирование QTLs, определяющих общее содержание ХА и относительного количества отдельных алкалоидов в семенах люпина узколистного, подтвердило, что *iuc* является основным локусом, контролирующим биосинтез ХА, а также позволило идентифицировать другие геномные области, участвующие в биосинтезе ХА (Kroc et al., 2019b).

Ключевым открытием стала идентификация гена *RAP2-7*, кодирующего транскрипционный фактор семейства AP2/ERF (APETALA2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR). Он сцеплен с локусом *iuc* и расположен в области с главными QTLs, влияющими на состав ХА, – в седьмой группе сцепления люпина узколистного и, весьма вероятно, вовлечен в регуляцию биосинтеза ХА. Кроме этого, был идентифицирован ген, кодирующий 4-гидрокситетрагидродипиколинатсинтазу (*DHDPS*), участвующую в биосинтезе L-лизина. *DHDPS* расположен на расстоянии 0,5 cM от *iuc*, что в очередной раз подтверждает значимость этого участка генома в регуляции путей биосинтеза ХА. Подтверждено также, что экспрессия *RAP2-7* была намного выше в листьях высокоалкалоидных образцов (*Iucundus*) по сравнению с низкоалкалоидными (*iucundus*) (Kroc et al., 2019b). Это на сегодняшний день позволяет считать *RAP2-7* наиболее вероятным кандидатом на роль гена, расположенного в локусе *iuc*. На роль другого кандидата претендует ген *DHDPS* (Kroc et al., 2019a). Остальные гены-кандидаты (включая ранее известные гены, кодирующие ферменты синтеза ХА) расположенные в других, по отношению к *iuc*, группах сцепления также косвенно поддерживают регуляцию биосинтеза алкалоидов люпина, типичную для транскрипционных факторов как возможных регуляторов экспрессии

генов (Kamphuis et al., 2021). Имеются многочисленные сведения о значительной роли представителей семейства транскрипционных факторов AP2/ERF в регуляции экспрессии генов, участвующих в синтезе вторичных метаболитов у других видов (см. обзор Memelink et al., 2001).

Применение метода массового анализа концов кДНК (MACE) для исследования картирующих популяций, полученных от контрастных по содержанию алкалоидов родителей, позволило выявить большое количество цис- и транс-регулируемых генов биосинтеза алкалоидов в образце с низким их содержанием. Было показано, что экспрессия генов биосинтеза алкалоидов регулируется геном, локализованным в локусе *iuc*, что в очередной раз подтверждает гипотезу о том, что транскрипционный фактор *RAP2-7* может определять низкоалкалоидный фенотип узколистного люпина и иметь практическое значение в маркер-опосредованной селекции (Plewiński et al., 2019; Czepiel et al., 2021).

Данные секвенирования EST и РНК дают возможность анализа дифференциально экспрессирующихся генов. Этот анализ стал популярным за последнее десятилетие и у видов люпина. Исследования транскриптома оказались чрезвычайно полезными для аннотации двух эталонных сборок генома *L. angustifolius*. В последние два десятилетия созданы насыщенные генетические карты люпина узколистного (Nelson et al., 2010; Yang et al., 2013; Kamphuis et al., 2015; Zhou et al., 2018) и большие библиотеки образцов, содержащих крупные геномные вставки (Gao et al., 2011; Kasprzak et al., 2006). В этих исследованиях использованы результаты работ, выполненных на модельных видах бобовых – *Medicago truncatula* Gaertn. и *Lotus japonicus* L. (Zhu et al., 2005). Хотя люпины таксономически дальше от этих моделей, чем другие экономически значимые виды бобовых, информация о синтенном расположении генов в хромосомах люпина и у этих моделей полезна как для поиска полиморфных маркеров, так и для обнаружения генов. Секвенирование геномов двух этих модельных видов позволило получить доказательства консервативной синтении хромосом *L. angustifolius*, *M. truncatula*, *L. japonicus* и, как следствие, интенсифицировать секвенирование генома люпина (Nelson et al., 2006; 2010). Гены, отвечающие за низкое содержание алкалоидов, были картированы наряду с другими, определяющими признаки доместикиции и селекционно значимые характеристики. Локус *iuc* был интегрирован в первую и все последующие версии молекулярно-генетических карт в район длиной 746 тысяч пн на 7-й хромосоме (Nelson et al., 2006; 2010; Hane et al., 2017).

Несмотря на невыясненную до сих пор молекулярную структуру этого локуса, разработаны молекулярные маркеры, сцепленные с ним. Первые маркеры к локусу *iuc* были разработаны посредством технологии фингерпринтинга полиморфизма длин микросателлитных закоренных фрагментов (MFLP). Маркер, показывающий наилучшую корреляцию с низкоалкалоидными фенотипа-

ми, был успешно преобразован в простой кодоминантный маркер на основе ПЦР и назван *iucLi*. Он локализован на расстоянии 0,9 сМ от локуса *iuc*. Соответствие между маркерным генотипом и фенотипом составляло 100% у 25 современных сортов и 86,4% среди 125 образцов базовой австралийской коллекции узколистного люпина, которая состоит преимущественно из дикорастущих представителей вида (Berger et al., 2013; Vishnyakova et al., 2021). Маркер *iucLi* использовали в селекции люпина узколистного для отбора “сладких” генотипов и для разработки почти изогенных линий для дальнейшей характеристики и точного картирования локуса *iucundus* (Li et al., 2011).

Однако неполное совпадение генотипа маркера *iucLi* и фенотипа ограничило его применение в селекции. Такое несовпадение, являющееся естественным следствием генетической рекомбинации между маркером и геном-мишенью, может произойти, если маркер не является внутригенным.

После открытия гена *RAP2-7*, возможного кандидата на роль гена, располагающегося в локусе *iuc*, был разработан молекулярный маркер, надежность которого была подтверждена на коллекционном материале разного статуса (дикие формы, сорта, селекционный материал). Это dCAPS маркер аллели *iuc_RAP2-7*, валидация которого была осуществлена на 202 образцах. Так, для образцов с содержанием алкалоидов в семенах $\geq 0,9\%$ от сухой массы семян было показано наличие диагностического фрагмента длиной 226 пн (генотипы *Iucundus*). В то же время для образцов с содержанием алкалоидов до 0,5% от сухой массы семян был идентифицирован маркерный фрагмент длиной 258 пн (генотипы *iucundus*). Маркер *iuc_RAP2-7* считают мощным инструментом для быстрого поиска нужных генотипов с помощью маркер-опосредованной селекции (Kroc et al., 2019a). Сегодня маркер-опосредованная селекция люпина узколистного стала интегральной частью селекционных программ в Австралии и ускорила создание новых, в том числе низкоалкалоидных сортов (Li et al., 2011; Rychel et al., 2019). Несомненно, дальнейшая разработка новых молекулярных маркеров, диагностирующих селекционно значимые признаки, позволит перейти к более эффективному и быстрому созданию новых сортов.

К настоящему времени осуществлены две эталонные сборки генома люпина узколистного на основе насыщенных генетических карт, результатов секвенирования транскриптома, данных о синтении с геномами других форм, в том числе модельных бобовых (Gao et al., 2011; Yang et al., 2013; Kamphuis et al., 2015).

Размер гаплоидного генома, установленный с использованием метода проточной цитометрии, составил 924 Мб (Naganowska et al., 2003; Kasprzak et al., 2006).

В первой сборке генома австралийского сорта ‘Tanjil’ было аннотировано 57807 генов люпина. Это больше, чем найдено у других видов бобовых: *Lotus japonicus* (38483), *Medicago truncatula* (47529), *Glycine max* (L.)

Merr. (46430) и *Cajanus cajan* L. (48680). Соответственно, размер генома люпина узколистного 1,153 Гб также больше, чем у *M. truncatula* (475 Мб), *L. japonicus* (472 Мб), *C. cajan* (833 Мб) и *G. max* (950 Мб). Длина сборки последовательностей генома, достигнутая в этом исследовании, составила примерно 52% генома вида (Yang et al., 2013).

Более детальная сборка генома люпина узколистного создана Hane et al. (2017) и размещена на портале генома люпина (URL: <https://lupinexpress.org/>) вместе с другими геномными ресурсами вида. Геном люпина узколистного характеризуется большим количеством повторов (57% генома), причем большая часть этих повторов (32% генома) соответствует известным мобильным элементам — ретротранспозонам с длинными концевыми повторами (28%). Данный класс мобильных элементов является типичным для большинства эукариот.

Геном *L. angustifolius* наряду с аннотированным геномом другого вида, люпина белого (*L. albus* L.) включен в информационную систему бобовых LIS – Legume Information System (URL: <https://legumeinfo.org>), где можно проследить синтению между геномами других видов бобовых (Dash et al., 2016). Найдено ясное доказательство полногеномной трипликации (WGT) у представителей трибы Genisteae (Bronn) Dumort, к которой принадлежат люпины (Kroc et al., 2014; Hane et al., 2017).

Стратегия получения “горько-сладких” форм люпина узколистного

Принципиальным положением, позволившим выдвинуть гипотезу о создании “горько-сладких” форм *L. angustifolius*, стало установление места синтеза ХА.

По данным транскриптомного анализа экспрессия *LDC* была самой высокой в листьях, стебле и цветоножках. Промежуточный уровень экспрессии выявлен в корнях, молодых бобах, включая семена, и в спелых бобах, исключая семена. В созревших семенах и цветках экспрессия гена *LDC* не детектирована (Yang et al., 2017). Наряду с *LDC* показана значительно более высокая экспрессия других генов, участвующих в процессе биосинтеза алкалоидов. Так, накопление транскриптов *LaCAO* и *LaAT* было значительно больше в листьях, чем в других тканях (Frick et al., 2018). Эти факты и служат материальной основой той стратегии улучшения культуры, которую наметили три десятилетия назад (Wink, 1993), а именно получение “горько-сладких” форм *L. angustifolius*.

Если биосинтез ХА в самих семенах незначителен или не осуществляется вообще, возможно корректировать процессы транспорта ХА таким образом, чтобы снизить уровни содержания ХА в зерне без ущерба для процессов их биосинтеза, транспорта и содержания в вегетативных органах, что сохранит адаптивность растений, в частности, сдержит атаки насекомых (Wink, 1990; 1994).

Имеющиеся сведения о биосинтезе алкалоидов свидетельствуют о том, что в нем задействованы разные вну-

три- и внеклеточные структуры (компарменты). Это значит, что распознавание транспортеров-кандидатов для изменения процессов распределения и накопления алкалоидов в органах растения потребует высокой степени специфичности, исключая изменение других процессов транспорта в растении, так как последнее является нежелательным. Транспортерами, представляющими наибольший интерес для селекции люпина, будут те, которые участвуют в переносе ХА в зерно из флоэмы, поскольку уровни ХА в надземной ткани и флоэмном соке в идеале должны быть высокими, чтобы сдерживать питание сосущих насекомых (Frick et al., 2018). Внутриклеточные транспортеры, участвующие в процессах транспорта ХА, очевидно должны стать дальнейшими и, возможно, определяющими мишенями для манипулирования описанными процессами.

Фактор, усложняющий использование геномных и транскриптомных ресурсов для воздействия на синтез и транспорт ХА в растении, – значительная подверженность этого процесса влиянию среды. Показано, к примеру, что уровень ХА в семенах одного и того же генотипа в разных условиях может изменяться не менее, чем в два раза, превышая при этом требуемый уровень допустимого содержания алкалоидов (0,02-0,04%). Показано десятикратное превышение этого уровня у сорта, традиционно относимого к “сладким”, – до 2120 мг/кг (0,2%) (Cowling, Tarr, 2004; Reinhard et al., 2006; Romanchuk, Anokhina, 2018). Поэтому метаболомное профилирование является дополнительным ресурсом, который может быть использован для люпина, чтобы обеспечить понимание того, как метаболизм ХА взаимодействует с другими метаболическими путями в растении, особенно при абиотических и биотических стрессах. Это позволило бы понять влияние взаимодействия «генотип × среда» на биосинтез ХА, а также установить или уточнить роль отдельных алкалоидов в адаптации вида к изменяющимся условиям окружающей среды (Romanchuk, Anokhina, 2018).

Уместно отметить, что сопутствующие описанным достижениям протеомные и метаболомные ресурсы люпина узколистного также существуют, но не столь обширны как геномные и транскриптомные (Ramalingam et al., 2015).

Заключение

Прогресс, достигнутый в последние 20 лет в понимании возможных путей получения сортов люпина узколистного для продовольственных и кормовых целей посредством современных биотехнологий, очевиден. Предполагаемое создание форм растений, отсутствующих в природе – с высоким содержанием алкалоидов в вегетативной массе и низким в семенах – возможно скоро перестанет быть объектом научных фантазий. Созданы насыщенные молекулярно-генетические карты вида, в которые интегрирован основной локус, свя-

занный с содержанием алкалоидов в растении – ius, а также разработаны молекулярные маркеры, ассоциированные с этим признаком. Выявлен кандидат для гена, предположительно расположенного в этом локусе, *RAP2-7*, кодирующий транскрипционный фактор и определяющий низкоалкалоидный фенотип у люпина узколистного. Достигнуты успехи в выяснении путей биосинтеза алкалоидов у модельных видов и начальных его этапов у люпина узколистного. На очереди распознавание транспортеров и их генов для определения тактики изменения процессов транспорта ХА в тканях растения. Наблюдаемый прогресс в развитии геномных, транскриптомных и метаболомных технологий применительно к люпину узколистному позволяет думать, что в недалеком будущем будут найдены недостающие звенья в имеющихся знаниях о молекулярно-генетических факторах синтеза, транспорта ХА и их регуляции, что позволит определить гены-мишени для редактирования генома, например, посредством применения CRISPR/Cas9 технологии.

Литература/References

- Adhikari K., Edwards O., Wang S., Ridsdill-Smith T., Buirchell B. The role of alkaloids in conferring aphid resistance in yellow lupin (*Lupinus luteus* L.). *Crop and Pasture Science*. 2012;63:444-451. DOI: 10.1071/CP12189
- Allen J. Toxins and lupinosis. In: Gladstones J.S., Atkin C.A., Hamblin J. (eds.). *Lupins as crop plants: biology, production and utilization*. CAB International; 1998. p.411-428.
- Beaudoin G., Facchini P. Benzylisoquinoline alkaloid biosynthesis in opium poppy. *Planta*. 2014;240(1):19-32. DOI: 10.1007/s00425-014-2056-8.
- Berger J.D., Clements J.C., Nelson M.N., Kamphuis L.G., Singh K.B., Buirchell B. The essential role of genetic resources in narrow-leaved lupin improvement. *Crop and Pasture Science*. 2013;64:361373. DOI: 10.1071/CP13092.
- Berlandier F. Alkaloid level in narrow-leaved lupin, *Lupinus angustifolius*, influences green peach aphid reproductive performance. *Entomologia Experimentalis et Applicata*. 1996;79:19-24. DOI: 10.1111/j.1570-7458.1996.tb00804.x
- Blaschek W., Ebel S., Hilgenfeldt U., Holzgrabe U., Reichling J., Schulz V., Barthlott W., Höltje H.-D. Hagers Enzyklopädie der Arzneistoffe und Drogen. 2016. [In German]. Available from: <http://www.drugbase.de/de/datenbanken/hagers-enzyklopaedie.html> [accessed January 23, 2021].
- Bunsupa S., Katayama K., Ikeura E., Oikawa A., Toyooka K., Saito K., Yamazaki M. Lysine decarboxylase catalyzes the first step of quinolizidine alkaloid biosynthesis and coevolved with alkaloid production in Leguminosae. *Plant Cell*. 2012a;24:1202-1216. DOI: 10.1105/tpc.112.095885
- Bunsupa S., Yamazaki M., Saito K. Quinolizidine alkaloid biosynthesis: recent advances and future prospects. *Frontiers in Plant Science*. 2012b;3:239. DOI: 10.3389/fpls.2012.00239
- Cárdenas P., Sonawane P., Pollier J., Bossche R.V., Dewangan V., Weithorn E., Tal L., Meir S., Rogachev I., Malitsky S., Giri A., Goossens A., Burdman S., Aharoni A. GAME9 regulates the biosynthesis of steroidal alkaloids and upstream isoprenoids in the plant mevalonate pathway. *Nature Communications*. 2016;7:10654. DOI: 10.1038/ncomms10654
- Czepiel K., Krajewski P., Wilczura P., Bielecka P., Świącicki W., Kroc M. Expression profiles of alkaloid-related genes across the organs of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) and in response to anthracnose infection. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021;22(5):2676. DOI: 10.3390/ijms22052676
- Cowling W., Tarr A. Effect of genotype and environment on seed quality in sweet narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Australian Journal of Agricultural Research*. 2004;55(7):745-751. DOI: 10.1071/AR03223
- Dash S., Campbell J.D., Cannon E.K., Cleary A.M., Huang W., Kalberer S.R., Karingula V., Rice A.G., Singh J., Umale P.E., Weeks N.T., Wilkey A.P., Farmer A.D., Cannon S.B. Legume information system (LegumeInfo.org): a key component of a set of federated data resources for the legume family. *Nucleic Acids Research*. 2016;44(D1):D1181-D1188. DOI: 10.1093/nar/gkv1159
- Dewey R., Xie J. Molecular genetics of alkaloid biosynthesis in *Nicotiana tabacum*. *Phytochemistry*. 2013;94:10-27. DOI: 10.1016/j.phytochem.2013.06.002
- Dijkstra D., Linnemann A., van Boekel T. Towards sustainable production of protein-rich foods: appraisal of eight crops for Western Europe. Part II: Analysis of the technological aspects of the production chain. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 2003;43(5):481-506. DOI: 10.1016/j.foodchem.2005.09.088
- Facchini P., St-Pierre B. Synthesis and trafficking of alkaloid biosynthetic enzymes. *Current Opinion in Plant Biology*. 2005;8(6):657-666. DOI: 10.1016/j.pbi.2005.09.008
- Fischer K., Dieterich R., Nelson M., Kamphuis L., Singh K., Rotter B., Krezdorn N., Winter P., Wehling P., Ruge-Wehling B. Characterization and mapping of LanrBo: A locus conferring anthracnose resistance in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Theoretical and Applied Genetics*. 2015;128:2121-2130. DOI: 10.1007/s00122-015-2572-3
- Frick K., Kamphuis L., Siddique K., Singh K., Foley R. Quinolizidine alkaloid biosynthesis in lupins and prospects for grain quality improvement. *Frontiers in Plant Science*. 2017;8:1-12. DOI: 10.3389/fpls.2017.00087
- Frick K., Foley R., Kamphuis L.G., Siddiqui K., Gar G., Singh K.B. Characterization of the genetic factors affecting quinolizidine alkaloid biosynthesis and its response to abiotic stress in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Plant, Cell and Environment*. 2018;41:2155-2168. DOI: 10.1111/pce.13172
- Gao L.-L., Hane J., Kamphuis L., Foley R., Shi B.-J., Atkins C.A., Singh K. Development of genomic resources for the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius*): construction of a bacterial artificial chromosome (bac) library and bac-end sequencing. *BMC Genomics*. 2011;12:521. DOI: 10.1186/1471-2164-12-521
- Gladstones J.S. Lupins as crop plants. *Field Crop Abstracts*. 1970;23:123-148.
- Gustafsson A., Gadd I. Mutations and crop improvement. II. The genus *Lupinus* (Leguminosae). *Hereditas*. 1965;53:15-39. DOI: 10.1111/j.1601-5223.1965.tb01977.x
- Hagel J.M., Facchini P.J. Benzylisoquinoline alkaloid metabolism: A century of discovery and a brave New World. *Plant and Cell Physiology*. 2013;54(5):647-672. DOI: 10.1093/pcp/pct020
- Hane J.K., Ming Y., Kamphuis L.G., Nelson M.N., Garg G., Atkins C.A., Bayer P.E., Bravo A., Bringans S., Cannon S., Edwards D., Foley R., Gao L.L., Harrison M.J., Huang W., Hurgobin B., Li S., Liu C.W., McGrath A., Morahan G., Murray J., Weller J., Jian J., Singh K.B. A comprehensive draft genome sequence for lupin (*Lupinus angustifolius*), an emerging health food: insights into plant-microbe interactions and legume evolution. *Plant Biotechnology Journal*. 2017;15:318-330. DOI: 10.1111/pbi.12615
- Hirai M.Y., Suzuki H., Yamazaki M., Saito K. Biochemical and partial molecular characterization of bitter and sweet forms of *Lupinus angustifolius*, an experimental model for study of molecular regulation of quinolizidine alkaloid biosynthesis. *Chemical & Pharmaceutical Bulletin*. 2000;48:1458-1461. DOI: 10.1248/cpb.48.1458
- Kamel K.A., Świącicki W., Kaczmarek Z., Barzyk P. Quantitative and qualitative content of alkaloids in seeds of a narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) collection. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2015;63:711-719. DOI: 10.1007/s10722-015-0278-7
- Kamphuis L.G., Hane J.K., Nelson M.N., Gao L., Atkins C.A., Singh K.B. Transcriptome sequencing of different narrow-leaved lupin tissue types provides a comprehensive uni-gene assembly and extensive gene-based molecular markers. *Plant Biotechnology Journal*. 2015;3:14-25. DOI: 10.1111/pbi.12229
- Kamphuis L.G., Garg G., Foley R., Singh K.B. Genomic resources for lupins are coming of age. *Legume Science. Special Issue*.

- 2021;3(3):e77. DOI: 10.1002/leg3.77
- Kasprzak A., Safar J., Janda J., Dolezel J., Wolko B., Naganowska B. Bacterial artificial chromosome (BAC) library of the narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Cellular and Molecular Biology Letters*. 2006;11:396-407. DOI: 10.2478/s11658-006-0033-3
- Kroc M., Koczyk G., Święcicki W., Kilian A., Nelson M. New evidence of ancestral polyploidy in the Genistoid legume *Lupinus angustifolius* L. (narrow-leaved lupin). *Theoretical and Applied Genetics*. 2014;127:1237-1249. DOI: 10.1007/s00122-014-2294-y
- Kroc M., Czepiel K., Wilczura P., Mokrzycka M., Święcicki W. Development and validation of a gene-targeted dCAPS marker for marker-assisted selection of low-alkaloid content in seeds of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Genes*. 2019a;10:428. DOI: 10.3390/genes10060428
- Kroc M., Koczyk G., Kamel K.A., Czepiel K., Fedorowicz-Strońska O., Krajewski P., Kosińska J., Podkowiński J., Wilczura P., Święcicki W. Transcriptome-derived investigation of biosynthesis of quinolizidine alkaloids in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) highlights candidate genes linked to iucundus locus. *Scientific Reports*. 2019b;9:2231. DOI: 10.1038/s41598-018-37701-5
- Kushnareva A.V., Shelenga T.V., Perchuk I.N., Egorova G.P., Malyshev L.L., Kerv Yu.A., Shavarda A.L., Vishnyakova M.A. Selection of an optimal method or screening the collection of narrow-leaved lupine held by the Vavilov Institute for the qualitative and quantitative composition of seed alkaloids. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(8):829-835. DOI: 10.18699/VJ20.680
- Lee M.J., Pate J.S., Harris D.J., Atkins C.A. Synthesis, transport and accumulation of quinolizidine alkaloids in *Lupinus albus* L. and *L. angustifolius* L. *Journal of Experimental Botany*. 2007;58:935-946. DOI: 10.1093/jxb/erl254
- Li X., Yang H., Buirchel B., Yan G. Development of a DNA marker tightly linked to low-alkaloid gene *iucundus* in narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) for marker-assisted selection. *Crop and Pasture Science*. 2011;62:218-224. DOI: 10.1071/CP10352
- Linnemann A.R., Dijkstra D.S. Toward sustainable production of protein-rich foods: appraisal of eight crops for Western Europe. Part I. Analysis of the primary links of the production chain. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 2002;42:377-401. DOI: 10.1080/20024091054193
- Memelink J., Verpoorte R., Kijne J.W. ORCAnization of jasmonate-responsive gene expression in alkaloid metabolism. *Trends in Plant Science*. 2001;6(5):212-219. DOI: 10.1016/s1360-1385(01)01924-0
- Naganowska B., Wolko B., Sliwinska E., Kaczmarek Z. Nuclear DNA content variation and species relationships in the genus *Lupinus* (Fabaceae). *Annals of Botany*. 2003;92: 349-355. DOI: 10.1093/aob/mcgl45
- Nelson M.N., Phan H.T., Ellwood S.R., Moolhuijzen P.M., Hane J., Williams A., O'Lone C.E., Fosu-Nyarko J., Scobie M., Cakir M., Jones M., Bellgard M., Książkiewicz M., Wolko B., Barker S.J., Oliver R.P., Cowling W.A. The first gene-based map of *Lupinus angustifolius* L. – location of domestication genes and conserved synteny with *Medicago truncatula*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2006;113:225-238. DOI: 10.1007/s00122-006-0288-0
- Nelson M.N., Moolhuijzen P.M., Boersma J.G., Chudy M., Lesniewska K., Bellgard M., Oliver R.P., Święcicki W., Wolko B., Cowling W., Ellwood S.R. Aligning a new reference genetic map of *Lupinus angustifolius* with the genome sequence of the model legume, *Lotus japonicus*. *DNA Research*. 2010;17:73-83. DOI: 10.1093/dnares/dsq001
- Plewiński P., Książkiewicz M., Rychel-Bielska S., Rudy E., Wolko B. Candidate domestication-related genes revealed by expression quantitative trait loci mapping of narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;20(22):5670. DOI: 10.3390/ijms20225670
- Prusiński J. Postęp biologiczny w łubinie (*Lupinus* sp.) – rys historyczny i stan aktualny. *Zesz Probl Post Nauk Roln*. 2007;522:23-37. [in Polish]
- Rai V, Tandon PK, Khatoon S. Effect of chromium on antioxidant potential of *Catharanthus roseus* varieties and production of their anticancer alkaloids: vincristine and vinblastine. *BioMed Research International*. 2014;2014:934182. DOI: 10.1155/2014/934182
- Ramalingam A., Kudapa H., Pazhamala L.T., Weckwerth W., Varshney R.K. Proteomics and metabolomics: two emerging areas for legume improvement. *Frontiers in Plant Science*. 2015;6:1116. DOI: 10.3389/fpls.2015.01116
- Reinhard H., Rupp H., Sager F., Streule M., Zoller O. Quinolizidine alkaloids and phomopsins in lupin seeds and lupin containing food. *Journal of chromatography A*. 2006;1112:353-360. DOI: 10.1016/j.chroma.2005.11.079
- Rychel S., Książkiewicz M. Development of gene-based molecular markers tagging low alkaloid pauper locus in white lupin (*Lupinus albus* L.). *Journal of Applied Genetics*. 2019;60(3-4):269-281. DOI: 10.1007/s13353-019-00508-9
- Romanchuk I.Yu., Anokhina V.S. Lupine alkaloids: structure, biosynthesis, genetics. *Molekulyarnaya i Prikladnaya Genetika = Molecular and Applied Genetics*. 2018;25:108-123. [in Russian] (Романчук И.Ю., Анохина В.С. Алкалоиды люпина: строение, биосинтез, генетика. *Молекулярная и прикладная генетика*. 2018;25:108-123).
- Sengbusch R. Die Entstehungsgeschichte einiger neuer Kulturpflanzen. *Landwirtschaftliche Jahrbücher*. 1942;91:719-880. [In German]
- Vishnyakova M.A., Kushnareva A.V., Shelenga T.V., Egorova G.P. Alkaloids of narrow-leaved lupine as a factor determining alternative ways of the crop's utilization and breeding. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(6):625-635. DOI: 10.18699/VJ20.656
- Vishnyakova M.A., Vlasova E.V., Egorova G.P. Genetic resources of narrow-leaved lupine (*Lupinus angustifolius* L.) and their role in its domestication and breeding. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2021;25(6):620-630. DOI: 10.18699/VJ21.070
- Wang S., Liu A., Ridsdill-Smith T., Ghisalberti E. Role of alkaloids in resistance of yellow lupin to red-legged earth mite *Halotydeus destructor*. *Journal of Chemical Ecology*. 2000;26:429-441. DOI: 10.1023/A:1005413606680
- Wink M. Plant breeding: low or high alkaloid content. In: *Proceedings of the 6th International Lupin Conference; 1990 November 25-30; Temuco-Pucón, Chile*. 1990. p.326-334.
- Wink M. Allelochemical properties or the raison d'être of alkaloids. In: Geoffrey A. Cordell (ed.). *The Alkaloids*. San Diego: Acad. Press; 1993. Vol. 43. p.1-118.
- Wink M. Biological activities and potential application of lupin alkaloids. In: J.M. Neves-Martins, M.L. Beirao da Costa (eds.) *Advances in Lupin Research*. Lisbon: ISA Press; 1994. p.161-178.
- Wink M., Meißner C., Witte L. Patterns of quinolizidine alkaloids in 56 species of the genus *Lupinus*. *Phytochemistry*. 1995;38:139-153.
- Yang H., Tao Y., Zheng Z., Zhang Q., Zhou G., Sweetingham M.W., Howieson J.G., Li C. Draft genome sequence, and a sequence-defined genetic linkage map of the legume crop species *Lupinus angustifolius* L. *PLoS One*. 2013;8(5):e64799. DOI: 10.1371/journal.pone.0064799
- Yang T., Nagy I., Mancinotti D., Otterbach S.L., Andersen T.B., Motawia M.S., Asp T., Geu-Flores F. Transcript profiling of a bitter variety of narrow-leaved lupin to discover alkaloid biosynthetic genes. *Journal of Experimental Botany*. 2017;68:5527-5537. DOI: 10.1093/jxb/erx362
- Zachow F. Ein neues gen für alkaloidarmut bei *Lupinus angustifolius*. *Der Züchter*. 1967;37:35-38. doi: 10.1007/BF00621153. [In German]
- Zhou G.F., Jian J.B., Wang P.H., Li C.D., Tao Y., Li X., Renshaw D., Clements J., Sweetingham M., Yang H. Construction of an ultra-high density consensus genetic map, and enhancement of the physical map from genome sequencing in *Lupinus angustifolius*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2018;131,209-223. doi: 10.1007/s00122-017-2997-y
- Zhu H., Choi H.K., Cook D.R., Shoemaker R.C. Bridging model and crop legumes through comparative genomics. *Plant Physiology*. 2005;137(4):1189-1196. DOI: 10.1104/pp.104.058891

Информация об авторах

Маргарита Афанасьевна Вишнякова, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, заведующая отделом генетических ресурсов зернобобовых ВИР, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, m.vishnyakova.vir@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-2808-7745>

Екатерина Александровна Крылова, научный сотрудник, лаборатория постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

Information about the authors

Margarita A. Vishnyakova, Dr. Sci. (Biology), Chief Scientific Researcher, Head, Grain Legumes Genetic Resources Department, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, m.vishnyakova.vir@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-2808-7745>

Ekaterina A. Krylova, Scientific Researcher, Laboratory of Postgenomic Research, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 05.04.2022; одобрена после рецензирования 26.05.2022; принята к публикации 16.06.2022
The article was submitted 05.04.2022; approved after reviewing 26.05.2022; accepted for publication on 16.06.2022.

Научная статья

УДК 633.11:632.938

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-03



Характеристика устойчивости районированных сортов мягкой пшеницы к возбудителю желтой пятнистости

Н. М. Коваленко, Е. Л. Шайдаюк, Е. И. Гультяева

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Ивановна Гультяева, eigulyaeva@gmail.com

Желтая пятнистость (пиренофороз) листьев – широко распространенное и экономически значимое заболевание пшеницы во всем мире. Выращивание устойчивых сортов – экологически безопасный метод контроля болезни. Цель данной работы – оценка сортов мягкой пшеницы, рекомендуемых для возделывания в Российской Федерации, по устойчивости к возбудителю желтой пятнистости и идентификация доминантного аллеля *Tsn1* с использованием молекулярного маркера. Изучили 39 сортов озимой и 31 сорт яровой пшеницы, впервые включенных в Государственный реестр селекционных достижений в 2018-2020 годах. Устойчивость оценивали в контролируемых условиях при искусственном заражении ювенильных растений и сегментов листьев. Использовали два изолята *Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechs, продуцирующих токсины ToxA (I_ToxA) и ToxB (ToxB). Идентификация доминантного аллеля *Tsn1* выполнена с помощью маркера Xfcr623. Высокий уровень устойчивости (R) к обоим изолятам (I_ToxA и I_ToxB) показали яровые сорта ‘Гренада’ и ‘Силач’; умеренно устойчивыми (MR) были озимые сорта ‘Фелиция’ и ‘Ахмат’, а также яровые – ‘Омская 42’, ‘Зауральская жемчужина’, ‘Радира’, ‘Тарская 12’, ‘Экстра’. Устойчивой реакцией (R, MR) к изоляту I_ToxA характеризовались 26% озимых сортов и 45% яровых. Число сортов, устойчивых к изоляту I_ToxB, было существенно выше, 59% и 52%, для озимых и яровых сортов соответственно. Общая доля сортов, устойчивых к изоляту I_ToxA (реакция R, MR) в коллекции озимой пшеницы составила 26, яровой – 45%; к изоляту I_ToxB – 59 и 52%, соответственно. При использовании маркера Xfcr623 диагностический продукт амплификации выявлен у озимых сортов: ‘Бодрый’, ‘Кавалерка’, ‘Тимирязевка 150’, ‘Шеф’, ‘Анастасия’, ‘Барыня’, ‘Донская степь’, ‘Еланская’ и яровых: ‘Одета’, ‘Столыпинская 2’, ‘Ирень 2’, ‘ОМГАУ 100’. Все эти сорта умеренно восприимчивы к изоляту I_ToxA, за исключением ‘Одета’ и ‘Ирень 2’, что указывает на снижение уровня экспрессии гена *ToxA* в генотипах этих сортов.

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, пиренофороз, *Pyrenophora tritici-repentis*, устойчивость, молекулярные маркеры

Благодарности: Семена образцов яровой и озимой мягкой пшеницы были любезно предоставлены региональными селекционными учреждениями Российской Федерации.

Для цитирования: Коваленко Н.М., Шайдаюк Е.Л., Гультяева Е.И. Характеристика устойчивости районированных сортов мягкой пшеницы к возбудителю желтой пятнистости. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):15-24. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-03

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Коваленко Н.М., Шайдаюк Е.Л., Гультяева Е.И., 2022

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-03

Characterization of commercial common wheat cultivars for resistance to tan spot causative agent

Nadezhda M. Kovalenko, Ekaterina L. Shaydayuk, Elena I. Gulyaeva

All-Russian Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg, Russia

Corresponding author: Elena I. Gulyaeva, eigulyaeva@gmail.com

Tan spot of wheat (pyrenophorosis) is a worldwide spread and economically significant disease of wheat. Growing resistant cultivars is an environmentally friendly method of disease control. The aim of the present work was to assess tan spot resistance in common wheat cultivars recommended for cultivation in the Russian Federation, and to identify the dominant *Tsn1* allele using a molecular marker. The assessment involved 39 winter and 31 spring wheat cultivars included in the State Register of Selection Achievement in 2018-2020. Evaluation of wheat resistance was carried out in laboratory conditions under artificial inoculation of seedlings and leaf segments. Two isolates of *Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechs, producing ToxA toxin (I_ToxA) and ToxB toxin (ToxB) were used. The dominant allele of the *Tsn1* gene was identified using the Xfcp623 marker. A high level of resistance (R) to both isolates (I_ToxA and I_ToxB) was shown by spring cultivars 'Grenada' and 'Silach'; moderate resistance (MR) was demonstrated by winter cultivars 'Felicia' and 'Akhmat' and spring cultivars 'Omskaya 42', 'Zauralskaya Zhemchuzhina', 'Radmira', 'Tarskaya 12' and 'Extra'. A resistant reaction (R, MR) to the isolate I_ToxA was typical for 26% of winter cultivars and 45% of spring ones. The number of cultivars resistant to the I_ToxB isolate was significantly higher (59% and 52%, respectively). The total fraction of cultivars resistant to the isolate I_ToxA (reaction R, MR) in the collection of winter wheat was 26% and 45% in the spring wheat collection; while the fractions of cultivars resistant to the I_ToxB isolate in these collections were equal to 59% and 52%, respectively. By using the Xfcp623 marker, the diagnostic product was amplified in winter cultivars 'Bodry', 'Kavalerka', 'Timiryazevka 150', 'Shef', 'Anastasia', 'Barynya', 'Donskaya Step', 'Elanskaya' and spring cultivars 'Odeta', 'Stolypinskaya 2', 'Iren' 2' and 'OMGAU 100'. All these cultivars were moderately susceptible to the isolate I_ToxA, with the exception of 'Odeta' and 'Iren' 2', which may indicate a decrease in the expression level of the *ToxA* gene in genotypes of these cultivars.

Keywords: *Triticum aestivum*, tan spot, *Pyrenophora tritici-repentis*, resistance, molecular markers**Acknowledgments:** The seeds of spring and winter common wheat samples were kindly provided by regional breeding institutions of the Russian Federation.**For citation:** Kovalenko N.M., Shaydayuk E.L., Gulyaeva E.I. Characterization of commercial common wheat cultivars for resistance to tan spot causative agent. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):15-24. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-03

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the author, and his or her employer.

© Kovalenko N.M., Shaydayuk E.L., Gulyaeva E.I., 2022

Введение

Желтая пятнистость (пиренофороз) листьев – широко распространенное и экономически значимое заболевание пшеницы во всем мире. В эпифитотийные годы потери урожая могут достигать 60% (Hirrell et al., 1990; Rees, Platz, 1979). Возбудитель болезни – фитопатогенный гриб *Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechs (*Ptr*), паразитирующий на культурных, кормовых и дикорастущих злаках из родов *Triticum* L., *Agropyron* Bieb, *Aegilops* L., *Bromus* L., *Agrostis* L., *Alopecurus* L., *Avena* L., *Hordeum* Pers., *Lolium* L., *Festuca* L., *Stipa* L., *Androgon* L., *Setaria* L., *Beckmannia* L. и других (Khokhryakov, 1953; Luz, Hosford, 1980; Krupinsky, 1988; 1992).

В России желтая пятнистость впервые зарегистрирована в 1985 году на Северном Кавказе (Granin, 1989). В 1990-х годах заболевание стало прогрессировать, усилилась его вредоносность (Kremneva, Volkova, 2007; Zashchepkin et al., 2015; Kokhmetova et al., 2021). В 2000-х годах было отмечено существенное расширение ареала патогена. В современный период желтая пятнистость представляет собой угрозу для урожая во всех регионах возделывания пшеницы. Распространению болезни способствует шадящая обработка почвы. Большое количество растительных остатков на поверхности почвы является благоприятной средой для накопления первичного инокулюма в посевах пшеницы (Mikhailova et al., 2012).

Возбудитель желтой пятнистости *P. tritici-repentis* в своем жизненном цикле имеет половую (сумчатую) и бесполоую (конидиальную) стадии развития. Конидии образуются на вегетирующих листьях пшеницы. Перитеции (половая стадия) формируются на пораженных растительных остатках и служат для перезимовки патогена. Аскоспоры в перитециях созревают весной и являются первичным инокулюмом для заражения посевов пшеницы (Pfender, Wootke, 1987). Заболевание развивается с момента всходов до окончания вегетации листьев пшеницы. Проявляется оно в виде мелких желто-коричневых пятен, окруженных желтой зоной. По мере развития болезни пятна срастаются и распространяются от верхушки листа к его основанию (Wiese, 1977; Mikhailova et al., 2012). L. Lamari и соавторы (Lamari et al., 1991) выделили два симптома желтой пятнистости: некроз и хлороз. Изоляты *P. tritici-repentis* различаются по способности вызывать некрозы (nec) и (или) хлорозы (chl). Патотип nec+chl+ вызывает некроз и хлороз, патотип nec+chl- – только некроз, патотип nec-chl+ – только хлороз; а при патотипе nec--chl- отсутствуют оба симптома (Lamari, Bernier, 1989).

Гриб *P. tritici-repentis* образует селективные токсины. Токсин Ptr ToxA является главным фактором патогенности и обуславливает развитие некрозов у сортов пшеницы с геном восприимчивости *Tsn1* (Lamari, Bernier, 1989; Tuori et al., 1995; Ciuffetti et al., 1997). Активность ToxA

влияет на «фитность» изолятов, которая выражается в уровне споруляции (способности развивать конидии). Чем выше активность токсина, тем скорее проявляется некроз, тем в большей степени осуществляется споруляция изолята (Tan et al., 2012). Токсины Ptr ToxB и Ptr ToxC вызывают хлорозы. Транскрипт гена *ToxB* наблюдается на ранних стадиях инфекции в мицелии и конидиях, как у устойчивых, так и у чувствительных растений. Более высокие уровни транскриптов ToxB коррелируют с более быстрым развитием аппрессориев (Amaike et al., 2008). ToxA и ToxB различаются по структуре и, соответственно, способствуют гибели клетки хозяина посредством разных механизмов. Реакции хозяина, вызванные действием ToxA, более быстрые и приводят к некрозу, тогда как изменения, вызванные ToxB, протекают медленнее и приводят к хлорозу (Ciuffetti et al., 2010). Для идентификации доминантного аллеля *Tsn1* у сортов пшеницы разработан молекулярный маркер Xfcp623, который рекомендован для использования в маркер-опосредованной (англ. marker-assisted selection) селекции на устойчивость к желтой пятнистости (Faris et al., 2010; 2012).

Выращивание устойчивых сортов – экологически безопасный метод контроля болезни. Л.А. Михайлова и соавторы (Mikhailova et al., 2012) проанализировали свыше 1000 образцов озимой и яровой мягкой пшеницы из коллекции ВИР различного географического происхождения и определили, что частота устойчивых форм среди образцов озимой пшеницы выше, чем среди яровых. Высокую представленность устойчивые озимые формы имели среди образцов из США, Италии и Чехии (31%), а яровых – из Бразилии. Скрининг по устойчивости к желтой пятнистости 209 сортов озимой и 136 сортов яровой пшеницы, включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ до 2010 года показал, что около 40% сортов озимой пшеницы и 16% яровой характеризовались разными уровнями устойчивости к *P. tritici-repentis* (Mikhailova et al., 2012).

Цель данной работы – оценка устойчивости к возбудителю желтой пятнистости в фазе проростков сортов мягкой пшеницы, рекомендуемых для возделывания в РФ в 2018-2020 годах, и идентификация у них доминантного аллеля *Tsn1* с использованием молекулярного маркера.

Материал и методы

Материал исследований был представлен сортами озимой (39) и яровой (31) мягкой пшеницы, впервые включенными в Государственный реестр селекционных достижений в 2018-2020 годах (табл. 1) (State Register for Selection Achievements, 2022). Семена данных образцов были любезно предоставлены региональными селекционными учреждениями Российской Федерации.

Таблица 1. Характеристика допущенных к использованию в Российской Федерации сортов озимой и яровой пшеницы по устойчивости к возбудителю желтой пятнистости в фазе проростков

Table 1. Characterization of tan spot resistance at the seedling stage in commercial winter and spring wheat cultivars admitted for the use in the Russian Federation

№/ N	Сорт/ Cultivar	Год допуска/ Year of admittance	Наличие маркера/ Presence of the Xfcp623 marker	Тип реакции на заражение изолятами/ Type of reaction to artificial inoculation with <i>P. tritici-repentis</i>	
				I_тоxA	I_тоxB
Озимая пшеница/ Winter wheat					
1	‘Базис’	2018	*	1-2/2	1/2-3
2	‘Ваня’	2018	*	3/3	1-3/1-3
3	‘Граф’	2018	*	3/3	2-3/2
4	‘Степь’	2018	*	2/2-3	2-3/2-3
5	‘Арсенал’	2019	-	3/3	1-2/1
6	‘Базальт 2’	2019	-	3/3	2/2
7	‘Бодрый’	2019	+	3/3	2-3/3
8	‘Видея’	2019	-	3/3	1-3/3
9	‘Герда’	2019	-	3/3	1-2/2-3
10	‘Донмира’	2019	-	2-3/3-4	1/1
11	‘Иридаc’	2019	-	1-2/1	1/1
12	‘Кавалерка’	2019	+	2/2-3	1/1
13	‘Корона’	2019	-	3/3	1/1
14	‘Маркиз’	2019	-	2-3/2-3	2/2-3
15	‘Собербаш’	2019	-	2/2	1-2/1-3
16	‘Стать’	2019	-	2-3/3	1/1
17	‘СТРГ 8060 15’	2019	-	1-3/1-3	1-2/1-2
18	‘Тимирязевка 150’	2019	+	3/3	2-3/2
19	‘Фелиция’	2019	-	1/2	1-2/2
20	‘Шеф’	2019	+	2-3/2-3	1/1
21	‘Этюд’	2019	+	2-3/2-3	1-2/2
22	‘Акапелла’	2020	-	3/3	1-3/1-3
23	‘Альтернатива’	2020	-	3/3	1-2/2-3
24	‘Анастасия’	2020	+	3/3	1/1
25	‘Армада’	2020	-	1-2/1	1-2/3
26	‘Ахмат’	2020	-	1-2/1-2	2/2,1/1
27	‘Барыня’	2020	+	3/3	1/1
28	‘Былина Дона’	2020	-	1-2/1-3	1-2/0
29	‘Вольница’	2020	-	2/2	3/3
30	‘Вольный Дон’	2020	-	1-2/1-2	2-3/2-3
31	‘Вьюга’	2020	-	1-2/1-2	1/1
32	‘Гомер’	2020	-	3/3	2/2
33	‘Донская степь’	2020	+	3/3	1/1
34	‘Еланская’	2020	+	3/3	1-2/1-2
35	‘Еланчик’	2020	-	1/1	2/2
36	‘Жаворонок’	2020	-	1-2/2	1/1

№/ N	Сорт/ Cultivar	Год допуска/ Year of admittance	Наличие маркера/ Presence of the Xfcp623 marker	Тип реакции на заражение изолятами/ Type of reaction to artificial inoculation with <i>P. tritici-repentis</i>	
				I_тоxA	I_тоxB
37	‘Паритет’	2020	-	3/3	1-2/2-3
38	‘Секлетия’	2020	-	2/2-3	1-2/1-2
39	‘Цефей’	2020	-	1-2/1-3	3/3
Яровая пшеница/ Spring wheat					
40	‘Бурлак’	2019	-	3/3	3/3
41	‘Гренада’	2019	-	1/1	1/1
42	‘КВ 240 3 13’	2019	-	1-2/2	1-2/3
43	‘Корнетто’	2019	-	1/1	1-2/1-2
44	‘Нерда’	2019	-	2/2-3	2/2-3
45	‘Одега’	2019	+	2/2	2/2-3
46	‘Омская 42’	2019	-	2/1-2	1-2/1
47	‘Омская юбилейная’	2019	-	2/2-3	3/3
48	‘Старт’	2019	-	2-3/3	1-2/2
49	‘Столыпинская 2’	2019	+	3/3	3/3
50	‘Экада 214’	2019	-	1-2/1-2	1-2/2-3
51	‘Александрит’	2020	-	1-2/1-2	3/3
52	‘Арсея’	2020	-	3/3	3/3
53	‘Гаренда’	2020	-	3/3	1/1
54	‘Зауральская волна’	2020	-	3/3	2-3/2
55	‘Зауральская жемчужина’	2020	-	1-2/2	1-2/1
56	‘Зауральский янтарь’	2020	-	3/3	1-2/0
57	‘Изера’	2020	-	2-3/2	1-2/2
58	‘Ирень 2’	2020	+	1-2/0	2/2-3
59	‘Калинка’	2020	-	1-3/3	1-2/1
60	‘Краснозёрка’	2020	-	3-4/3-4	2/2
61	‘Лидер 80’	2020	-	1/1	1/2
62	‘Лютеция’	2020	-	2-3/2-3	3/3
63	‘ОМГАУ 100’	2020	+	3/3	3/3
64	‘Оренбургская юбилейная’	2020	-	1-3/1	3/3
65	‘Радмира’	2020	-	1-2/1-2	1/2
66	‘Силач’	2020	-	1/0	1-2/0
67	‘Тарская 12’	2020	-	1-2/1-2	1-2/1-2
68	‘Токката’	2020	-	2-3/2-3	3/3
69	‘Флоренс’	2020	-	3/3	1/0
70	‘Экстра’	2020	-	1-2/2	1-2/1-2

Примечание: «+» – наличие диагностического фрагмента маркера Xfcp623, «-» – отсутствие диагностического фрагмента, * – молекулярный анализ сорта не проводили.

Типы реакции: хлороз/некроз 1/0, 1/1,1/2,2/1 – устойчивость, 1-2/0, 2/2,2/3 – умеренная устойчивость, 3/2,3/3,3/4 – восприимчивость.

Note: “+” means the presence of the Xfcp623 marker diagnostic fragment, “-” means the absence of the diagnostic fragment, * means that the molecular analysis of the cultivar was not performed.

Reaction types: chlorosis/necrosis 1/0,1/1,1/2,2/1 – resistance, 1-2/0, 2/2,2/3 – medium resistance, 3/2,3/3,3/4 – susceptibility.

Для инокуляции сортов использовали два изолята *P. tritici-repentis*. Изолят I_ToxA был выделен из северо-западной популяции патогена (Ленинградская обл., Гатчинский сортоучасток), собранной с озимого сорта 'Инна', а I_ToxB – из северо-казахстанской популяции, собранной с ярового сорта 'Айна'. Вирулентность изолятов к сортам-дифференциаторам была охарактеризована в предварительных исследованиях. Согласно анализу вирулентности, фенотип изолята I_ToxA соответствовал расе 2, продуцирующей ToxA, а фенотип изолята I_ToxB – расе 5, продуцирующей ToxB. Наличие токсинов у этих изолятов подтверждено нами с использованием молекулярных маркеров.

Для заражения сортов пшеницы изоляты выращивали на среде V6 в течение шести суток (Mikhailova et al., 2012). Инокуляцию растений пшеницы проводили водной суспензией спор в концентрации $2-3 \times 10^3$ конидиоспор/мл.

Использовали сегменты листьев, сохраненные в 0,004% водном растворе бензимидазола и 8-10 дневные проростки пшеницы, выращенные в сосудах с почвой. Для инокуляции сегментов листьев была использована методика, описанная Михайловой и соавторами (Mikhailova et al., 2012). Сосуды с проростками пшеницы после инокуляции накрывали каркасом с натянутым полиэтиленом для создания влажной камеры и выдерживали в темноте в течение 12 ч при температуре 20°C. Затем каркасы снимали и растения инкубировали в условиях светустановки при температуре 20-22°C и освещенности 3000 люкс с фотопериодом 16 ч. день/8 ч. ночь.

Тип реакции сегментов определяли на 5-6 сутки; интактных растений – на 7-8 сутки. Использовали балловую шкалу, характеризующую степень развития некрозов и хлорозов (табл. 2) (Mikhailova et al., 2012).

Таблица 2. Шкала оценки устойчивости пшеницы к *P. tritici-repentis*

Table 2. Scale for evaluating resistance to *P. tritici-repentis* in wheat

Симптомы поражения/ Lesion symptoms	Тип реакции/ Reaction type	Фенотип устойчивости*/ Resistance phenotype
Мелкие черные или темно-коричневые пятна размером до 0,5 мм, хлоротичные пятна отсутствуют или мало заметны	1/0, 1/1	R
Мелкие черные или темно-коричневые пятна 0,5-1,0 мм, хлоротичные пятна до 2 мм	1/2, 2/1, 2/2,	MR
Темно-коричневые пятна до 1,0 мм, хлоротичные пятна до 2-3 мм	2/3, 2/4	MS
Темно-коричневые пятна до 2 мм, хлоротичные пятна до 5 мм	3/2, 3/3, 3/4	S
Коричневые, сливающиеся пятна, мацерация ткани листа	4/3, 4/4, 4/5, 5/4, 5/5	HS

Примечание: над чертой – балл развития некроза, под чертой – балл развития хлороза.

*R – устойчивость, MR – умеренная устойчивость, MS – умеренная восприимчивость,

S – восприимчивость, HS – высокая восприимчивость

Note: above the line – necrosis development score, below the line – chlorosis development score.

*R – resistance, MR – moderate resistance, MS – moderate susceptibility, S – susceptibility,

HS – high susceptibility

Для идентификации доминантного аллеля *Tsn1* использовали маркер Xfcp623. Характеристика его и условия проведения ПЦР представлены в таблице 3. Наличие продукта амплификации маркера указывает на наличие доминантного аллеля гена *Tsn1* (восприимчивость к болезни), отсутствие – рецессивного аллеля *tsn1*. Продукты амплификации разделяли в 1,5% агарозном геле, с добавлением бромистого этидия. В качестве маркера молекулярного веса использовали 100 bp ДНК маркер фирмы «Диалат» (URL: <http://dialat.ru/f/m100rus.pdf>).

Результаты и обсуждение

В работе произведена оценка ювенильной устойчиво-

сти 70 российских сортов озимой и яровой мягкой пшеницы. Высокий уровень устойчивости (R) к обоим изолятам (I_ToxA и I_ToxB) определен у яровых сортов 'Гренада' и 'Силач' (табл. 1, 4). Озимый сорт 'Еланчик' и яровые: 'Корнетто', 'Лидер 80', 'Силач' – имели высокий уровень устойчивости к изоляту I_ToxA, а озимые сорта: 'Донмира', 'Ирида', 'Кавалерка', 'Корона', 'Стать', 'Фелиция', 'Анастасия', 'Барыня', 'Вьюга', 'Донская степь', 'Жаворонок' и яровой 'Флоренс' – к изоляту I_ToxB. Число сортов, устойчивых к изоляту I_ToxB, среди образцов озимой пшеницы было существенно выше, чем среди яровых форм.

Таблица 3. Характеристика маркера Xfcp623 и условия ПЦР
Table 3. Characteristic of the Xfcp623 marker and PCR conditions

Праймер/ Primer	Последовательность/ Sequence	Размер ампликона/ Amplicon size	Условия ПЦР/ PCR reaction conditions	Источники/ References
Xfcp623 F Xfcp623 R	СТАТTCGТААТCGTGCCTTCCG CCTTCTCTCTCACCGSTATCTCATC	380 пн	94°C – 3 мин., 45 циклов (94°C – 30 сек., 60°C – 30 сек., 72°C – 1 мин), 72°C – 5 мин	Röder et al., 1998; Faris et al., 2010; Zhang et al., 2009

Таблица 4. Сорты мягкой пшеницы, устойчивые к *P. tritici-repentis*
Table 4. Common wheat cultivars resistant to *P. tritici-repentis*

Тип реакции/ Reaction type	Устойчивые озимые сорта/ Resistant winter cultivars		Устойчивые яровые сорта/ Resistant spring cultivars		Устойчивые озимые и яровые сорта/ Resistant winter and spring cultivars, %	
	I_ToxA	I_ToxB	I_ToxA	I_ToxB	I_ToxA	I_ToxB
R	‘Еланчик’	‘Донмира’, ‘Иридаc’, ‘Кавалерка’, ‘Корона’, ‘Стать’, ‘Фелиция’, ‘Анастасия’, ‘Барыня’, ‘Вьюга’, ‘Донская степь’, ‘Жаворонок’	Гренада, Силач ‘Корнетто’, ‘Лидер 80’	‘Гаренда’, ‘Флоренс’	7	21
MR	‘Фелиция’, ‘Ахмат’ ‘Базис’, ‘Иридаc’, ‘Собербаш’, ‘Армада’, ‘Вьюга’, ‘Вольный Дон’, ‘Жаворонок’	‘Арсенал’, ‘Базальт 2’, ‘Этюд’, ‘СТРГ 8060 15’, ‘Былина Дона’, ‘Гомер’, ‘Еланская’, ‘Еланчик’, ‘Секлетия’	‘Омская 42’, ‘Зауральская жемчужина’, ‘Радмира’, ‘Тарская 12’, ‘Экстра’ ‘КВ 240 313’, ‘Одета’, ‘Экада 214’, ‘Александрит’, ‘Ирень 2’	‘Корнетто’, ‘Старт’, ‘Зауральский янтарь’ ‘Изера’, ‘Калинка’, ‘Краснозёрка’, ‘Лидер 80’, ‘Лютеция’	27	34

Умеренно устойчивую реакцию (MR) к обоим изолятам показали 10% изученных сортов (озимые: ‘Фелиция’, ‘Ахмат’; яровые: ‘Омская 42’, ‘Зауральская жемчужина’, ‘Радмира’, ‘Тарская 12’, ‘Экстра’); к изоляту I_ToxA – 17% сортов (7 озимых, 5 яровых); к изоляту I_ToxB – 26% (10 озимых, 8 яровых) (см. табл. 4).

Общая доля сортов устойчивых к изоляту I_ToxA (реакция R, MR) в коллекции озимой пшеницы составила 26%, яровой – 45%; к изоляту I_ToxB – 59% и 52%, соответственно.

При использовании маркера Xfcp623, диагностический продукт, результат реакции амплификации, был выявлен у озимых сортов ‘Бодрый’, ‘Кавалерка’, ‘Тимирязевка 150’, ‘Шеф’, ‘Анастасия’, ‘Барыня’, ‘Донская степь’, ‘Еланская’ и у яровых: ‘Одета’, ‘Столыпинская 2’, ‘Ирень 2’, ‘ОМГАУ 100’. Пример электрофореграммы представлен на рисунке. Перечисленные сорта умеренно

восприимчивы к изоляту I_ToxA, за исключением ‘Одета’ и ‘Ирень 2’. Вероятно, у последних присутствуют иные эффекторы. Показано, что чувствительность генотипов пшеницы к Ptr ToxA не всегда коррелирует с восприимчивостью к расам, продуцирующим токсин ToxA (Mironenko, Kovalenko, 2018; Manning, Ciuffetti, 2015; Phan et al., 2016; See et al., 2018).

Токсин Ptr ToxA привнесен в геном *P. tritici-repentis* путем горизонтального переноса от *Parastagonospora nodorum* Quaedvlieg, Verkley & Crous. Это обусловило существенное расширение спектра вирулентности ранее малозначимого патогена пшеницы (Friesen et al., 2006). Н.В. Мироненко с соавторами (Mironenko et al., 2019) проанализировали коллекцию изолятов *P. tritici-repentis* из южных, северных и западносибирских регионов РФ, Финляндии и Казахстана, полученную в 2017-2018 годах, по расовому составу и наличию в них генов *ToxA* и *ToxB*.

Ген *ToxB* не был обнаружен в изученной коллекции. Отсутствие или редкая встречаемость изолятов, продуцирующих данный токсин, была показана и в других странах (Ali et al., 2010; Antoni et al., 2010; Moreno et al., 2015; See et al., 2018). Представленность гена *ToxA* варьировала у изученных образцов популяций *P. tritici-repentis*.

В российской северокавказской и юго-восточной казахстанской популяциях частота изолятов *ToxA*⁺ составляла 100%, а в других варьировала от 5,5% (западносибирская омская популяция) до 66% (финская популяция) (Mironenko et al., 2019).

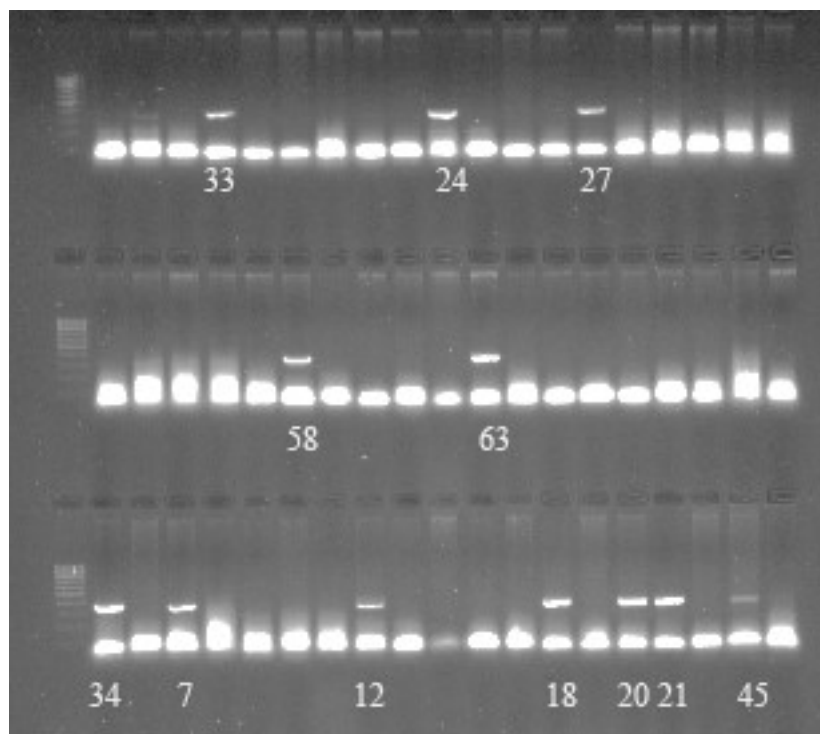


Рисунок. Электрофореграммы продуктов амплификации маркера Xfcp623 у сортов пшеницы.
Номера указаны для образцов с положительным результатом амплификации маркера (соответствуют номерам образцов в таблице 1).

Figure. Electrophoregram of marker Xfcp623 amplification products from wheat cultivars.
Numbers are indicated for the “positive” accessions only and correspond to the accession numbers in Table 1.

Высокая представленность в российских популяциях изолятов *ToxA* указывает на то, что наибольший практический интерес для селекции представляют сорта пшеницы, которые характеризуются устойчивостью к изоляту I *ToxA*, у которых при молекулярном скрининге отсутствовал продукт амплификации маркера Xfcp623.

Заклучение

В результате скрининга 70 сортов мягкой пшеницы, впервые включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ в 2018-2020 годах, выявлено значительное число образцов, устойчивых к возбудителю желтой пятнистости. Доля сортов, устойчивых в фазе проростков к изолятам, продуцирующим токсины *ToxA* и *ToxB*, составила 13%; к изоляту *ToxA* – 21%; к изоляту *ToxB* – 43%. Образцы данных сортов могут быть рекомендованы для селекции в качестве доноров устойчиво-

сти пшеницы к возбудителю желтой пятнистости.

Литература/References

- Ali S., Gurung S., Adhikari T.B. Identification and characterization of novel isolates of *Pyrenophora tritici-repentis* from Arkansas. *Plant Disease*. 2010;94(2):229-235. DOI: 10.1094/PDIS-94-2-0229
- Amaike S., Ozga J.A., Basu U., Strelkov S.E. Quantification of *ToxB* gene expression and formation of appressoria by isolates of *Pyrenophora tritici-repentis* differing in pathogenicity. *Plant Pathology*. 2008;57:623-633. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2007.01821.x
- Antoni E.A., Rybak K., Tucker M.P., Hane J.K., Solomon P., Drenth A., Shanka M., Oliver R. Ubiquity of *ToxA* and absence of *ToxB* in Australian populations of *Pyrenophora tritici-repentis*. *Australasian Plant Pathology*. 2010;39:63-68. DOI: 10.1071/AP09056
- Ciuffetti L.M., Manning V.A., Pandelova I., Betts M.F., Martinez P. Host-selective toxins, Ptr *ToxA* and Ptr *ToxB*, as necrotrophic effectors in the *Pyrenophora tritici-repentis* wheat interaction. *New Phytologist*. 2010;187:911-919. DOI: 10.1111/j.1469-

- Ciuffetti L.M., Tuori R.P., Gavena J.M. A single gene encodes a selective toxin causal to the development of tan spot of wheat. *Plant Cell*. 1997;9(2):135-144. DOI: 10.1105/tpc.9.2.135
- Faris J.D., Abeyssekara N.S., McClean P.E., Xu S.S., Friesen T.L. Tan spot susceptibility governed by the *Tsn1* locus and race-nonspecific resistance quantitative trait loci in a population derived from the wheat lines Salamouni and Katepwa. *Molecular Breeding*. 2012;30:1669-1678. DOI: 10.1007/s11032-012-9750-7
- Faris J.D., Zhang Z., Lu H.J., Lu S.W., Reddy L., Cloutier S., Fellers J.P., Meinhardt S.W., Rasmussen J.B., Xu S.S., Oliver R.P., Simons K.J., Friesen T.L. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. 2010;107:13544-13549. DOI: 10.1073/pnas.1004090107
- Friesen T.L., Faris J.D., Lai Z., Steffenson B.J. Identification and chromosomal location of major genes for resistance to *Pyrenophora teres* in a doubled-haploid barley population. *Genome*. 2006;49:855-859. DOI: 10.1139/g06-024
- Granin E.F., Monastyrskaya E.M., Kraeva G.A., Kochubey K. Yu. Pyrenophorosis of winter wheat in the North Caucasus. *Zashchita rasteniy = Plant protection*. 1989;12:21. [in Russian] (Гранин Е.Ф., Монастырская Э.М., Краева Г.А., Кочубей К.Ю. Пиренофороз озимой пшеницы на Северном Кавказе. *Защита растений*. 1989;12:21).
- Hirrell M.C., Spradley J.P., Mitchell J.K., Wilson E.W. First report of tan spot caused by *Drechslera tritici-repentis* on winter wheat in Arkansas. *Plant Disease*. 1990;74(3):252.
- Khokhryakov M.L. Morphological and biological substantiation of the taxonomy of fungi of the genus *Helminthosporium* (sensu lato) on cereals (Morfologo-biologicheskoye obosnovaniye sistematiки грибов рода *Helminthosporium* (sensu lato) na zlakakh) [dissertation]. Leningrad: VIZR; 1953. [in Russian] (Хохряков М.Л. Морфолого-биологическое обоснование систематики грибов рода *Helminthosporium* (sensu lato) на злаках: диссертация на соискание степени доктора биологических наук. Ленинград: ВИЗР; 1953).
- Kokhmetova A, Sehgal D, Ali S, Atishova M, Kumarbayeva M, Leonova I, Dreisigacker S. Genome-wide association study of tan spot resistance in a hexaploid wheat collection from Kazakhstan. *Frontiers in Genetics*. 2021;11:581214. DOI: 10.3389/fgene.2020.581214
- Kremneva O.Yu., Volkova G.V. Population structure of *Pyrenophora tritici-repentis* in the North Caucasus on virulence and morphological traits. *Mikologiya i fitopatologiya*. 2007;41(4):356-361. [in Russian] (Кремнева О.Ю., Волкова Г.В. Структура популяции *Pyrenophora tritici-repentis* на Северном Кавказе по вирулентности и морфолого-культуральным признакам. *Микология и фитопатология*. 2007;41(4):356-361).
- Krupinsky J.M. Aggressiveness of *Pyrenophora tritici-repentis* from alternative hosts. *Phytopathology*. 1988;78(12):1526.
- Krupinsky J.M. Grass hosts of *Pyrenophora tritici-repentis*. *Plant Disease*. 1992;76(1):92-95.
- Lamari L., Bernier C.C. Evaluation of wheat lines and cultivars to tan spot based on lesion type. *Canadian Journal of Plant Pathology*. 1989;11(1):49-56.
- Lamari L., Bernier C.C., Smith R.B. Wheat genotypes that develop both tan necrosis and extensive chlorosis in response to isolates of *Pyrenophora tritici-repentis*. *Plant Pathology*. 1991;75(2):121-122.
- Luz W.C., Hosford R.M. Twelve *Pyrenophora trichostoma* races for virulence of wheat in central plains of North America. *Phytopathology*. 1980;70(12):1193-1196.
- Manning V.A., Ciuffetti L.M. Necrotrophic effector epistasis in the *Pyrenophora tritici-repentis*-wheat interaction. *PLoS One*. 2015;10(4):e0123548. DOI: 10.1371/journal.pone.0123548
- Mikhailova L.A., Mironenko N.V., Kovalenko N.M. Yellow blotch of wheat (Zheltaya pyatnistost pshenitsy). Metodicheskiye ukazaniya po izucheniyu populyatsiy vzbuditelya zheltoy pyatnistosti *Pyrenophora tritici-repentis* i ustoychivosti sortov = Guidelines for the study of populations of the yellow spot pathogen *Pyrenophora tritici-repentis* and resistance of varieties. St. Petersburg 2012. [in Russian] (Михайлова Л.А., Мироненко Н.В., Коваленко Н.М. Желтая пятнистость пшеницы. Методические указания по изучению популяций возбудителя желтой пятнистости *Pyrenophora tritici-repentis* и устойчивости сортов Санкт-Петербург. 2012).
- Mironenko N.V., Kovalenko N.M. Peculiarities of interaction of *Tsn1* and *ToxA* genes in *Triticum aestivum* – *Pyrenophora tritici-repentis* pathosystem. *Plant Protection News*. 2018;2(96):12-16. [in Russian] (Мироненко Н.В., Коваленко Н.М. Особенности взаимодействия генов *Tsn1* и *ToxA* в патосистеме *Triticum aestivum* – *Pyrenophora tritici-repentis*. *Вестник защиты растений*. 2018;2(96):12-16).
- Mironenko N.V., Kovalenko N.M., Baranova O.A. Characteristics of the geographically distant populations of *Pyrenophora tritici-repentis* in terms of virulence and *ToxA* and *ToxB* toxin-forming genes. *Plant Protection News*. 2019;1(99):24-29. [in Russian] (Мироненко Н.В., Коваленко Н.М., Баранова О.А. Характеристика географически отдаленных популяций *Pyrenophora tritici-repentis* по вирулентности и генам токсинообразования *ToxA* и *ToxB*. *Вестник защиты растений*. 2019;1(99):24-29).
- Moreno M.V., Stenglein S., Perello A.E. Distribution of races and *Tox* genes in *Pyrenophora tritici-repentis* isolates from wheat in Argentina. *Tropical Plant Pathology*. 2015;40(2):141-146. DOI: 10.1007/s12256-015-0011-2
- Pfender W.F., Wootke S.L. Production of pseudothecia and ascospores by *P. tritici-repentis* in response to macronutrient concentration. *Phytopathology*. 1987;77(8):1213-1216.
- Phan H.T.T., Rybak K., Furuki E., Breen S., Solomon P.S., Oliver R.P., Tan K.C. Differential effector gene expression underpins epistasis in a plant fungal disease. *The Plant Journal*. 2016;87:343-354. DOI: 10.1111/tbj.13203
- Rees R.G., Platz G.J. The occurrence and control of yellow spot of wheat in north-eastern Australia. *Australian Journal of Experimental Agriculture and Animal Husbandry*. 1979;19(98):69-372.
- Röder M.S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leroy Ph., Ganal M.W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*. 1998;149:2007-2023. DOI: 10.1093/genetics/149.4.2007
- See P.T., Marathamuthu K.A., Igallo E.M., Oliver R.P., Moffat C.S. Evaluating the importance of the tan spot *ToxA-Tsn1* interaction in Australian wheat varieties. *Plant Pathology*. 2018;67:1066-1075. DOI: 10.1111/ppa.12835
- State Register for Selection Achievements Admitted for Usage (National List). Vol.1. "Plant varieties" (official publication). Moscow: FGBNU «Rosinformagrotech»; 2022. 646 p. [In Russian]. (Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т.1. «Сорта растений» (официальное издание). Москва: ФГБНУ «Росинформагротех»; 2022. 646 с.).
- Tan K.C., Ferguson-Hunt M., Rybak K., Waters O.D.C., Stanley W.A., Bond C.S., Stukenbrock E., Friesen T., Faris J., McDonald B., Oliver R. Quantitative variation in effector activity of *ToxA* isoforms from *Stagonospora nodorum* and *Pyrenophora tritici-repentis*. *Molecular Plant - Microbe Interactions*. 2012;25(4):515-522. DOI: 10.1094/MPMI-10-11-0273
- Tuori R.P., Wolpert T.J., Ciuffetti L.M. Purification and immunological characterization of toxic components from cultures of *Pyrenophora tritici-repentis*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*. 1995;8(1):41-48. DOI: 10.1094/mpmi-8-0041
- Wiese M.V. Compendium of wheat diseases. American Phytopathological Society; 1977.
- Zashchepkin E.E., Shutko A.P., Tuturzhans L.V. Yellow spot as an integral part of the pathogenic complex of winter wheat in the Central Ciscaucasia (Zheltaya pyatnistost kak sostavnaya chast patogennogo kompleksa ozimoy pshenitsy v Tsentralnom Predkavkazye). *Sovremennyye problemy nauki i obrazovaniya = Modern problems of science and education*. 2015;2:2. [in Russian] (Защепкин Е.Е., Шутко А.П., Тутуржанс Л.В. Современные проблемы науки и образования. 2015;2:2). URL: <https://science-education.ru/ru/article/view?id=22326> [дата обращения: 12.04.2022]
- Zhang Z., Friesen T.L., Simons K.J., Xu S.S., Faris J.D. Development, identification, and validation of markers for marker-assisted selection against the *Stagonospora nodorum* toxin sensitivity genes *Tsn1* and *Snn2* in wheat. *Molecular Breeding*. 2009;23:35-49. DOI: 10.1007/s11032-008-9211-5

Информация об авторах

Надежда Михайловна Коваленко, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, лаборатория иммунитета растений к болезням, Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, 196608 Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин, ш. Подбельского, д. 3, nadyakov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9577-8816>

Екатерина Львовна Шайдаюк, кандидат биологических наук, младший научный сотрудник, лаборатория микологии и фитопатологии, Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, 196608 Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин, ш. Подбельского, д. 3, eshaydayuk@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3266-6272>

Елена Ивановна Гультаева, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, лаборатория микологии и фитопатологии, Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, 196608 Россия, г. Санкт-Петербург, Пушкин, ш. Подбельского, д. 3, eigulyaeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7948-0307>

Information about the authors

Nadezhda M. Kovalenko, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Plant Immunity to Diseases, All-Russian Institute of Plant Protection, 3, Podbelskogo Highway, St. Petersburg, Pushkin, 196608 Russia, nadyakov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9577-8816>

Ekaterina L. Shaydayuk, Cand. Sci. (Biology), Junior Researcher, Laboratory of Mycology and Phytopathology, All-Russian Institute of Plant Protection, 3, Podbelskogo Highway, St. Petersburg, Pushkin, 196608 Russia, eshaydayuk@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3266-6272>

Elena I. Gulyaeva, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, Laboratory of Mycology and Phytopathology, All-Russian Institute of Plant Protection, 3, Podbelskogo Highway, St. Petersburg, Pushkin, 196608 Russia, eigulyaeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7948-0307>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 05.04.2022; одобрена после рецензирования 26.05.2022; принята к публикации 16.06.2022

The article was submitted 05.04.2022; approved after reviewing 26.05.2022; accepted for publication on 16.06.2022.

Обзорная статья

УДК 633.511:602.6:577.2

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-05



Генная инженерия хлопчатника: современное состояние и перспективы

К. В. Смирнов^{1,2}, Т. В. Матвеева¹, Л. А. Лутова¹

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

²Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия

Автор, ответственный за переписку: Кирилл Вадимович Смирнов, kirill.vad.smirnov@gmail.com

На настоящий момент сразу несколько представителей рода *Gossypium* L. культивируют в сельском хозяйстве для производства волокна. Несмотря на то, что хлопчатник возделывается достаточно давно, тем не менее, многие аспекты его культивирования и переработки все еще находятся на стадии исследования. Говоря об агрономии данной культуры, нельзя не упомянуть о ряде фундаментальных проблем. Например, количество пестицидов, расходуемое при культивировании хлопчатника, больше, чем для любой другой культуры. Распыляемые на хлопковых полях химикаты смываются с полей и, попадая в источники пресной воды, загрязняют их, нанося значительный ущерб окружающей среде. Такого рода трудности могут быть преодолены переходом на культивирование трансгенных линий хлопчатника. Внедрение трансгенного хлопчатника в сельское хозяйство имеет важное значение во многих отношениях: экологическом, социальном и экономическом, а именно приводит к сокращению количества используемых для защиты растений пестицидов, косвенному увеличению урожайности, значительному снижению уровня загрязнения окружающей среды, а также к сокращению общих экономических затрат и количества необходимой для возделывания культуры рабочей силы. По сей день, основными способами получения трансгенных линий при работе с хлопчатником все еще являются агробактериальная трансформация и биолистика. Однако в последние годы получают развитие и инновационные методы трансформации. Например, в Китае для получения коммерческого трансгенного хлопчатника с каждым годом все активнее используется привнесение генетического материала в клетку хозяина посредством пыльцевой трубки. И, хотя в последние десятилетия были получены трансгенные линии, устойчивые к болезням и абиотическим стрессам, а также с улучшенным качеством волокна, доминирующее положение на рынке трансгенного хлопчатника все еще занимают линии растений, устойчивых к насекомым и к гербицидам. Все вышперечисленное говорит о недостаточной степени интеграции между научно-исследовательскими лабораториями, источником новых передовых разработок, и агрономами. В данном обзоре собраны и обобщены результаты исследований, посвященных возделыванию и генетической модификации хлопчатника. Рассмотрены основные методы генетической трансформации культивируемых представителей рода *Gossypium*, как активно используемые в текущий момент, так и находящиеся в разработке. Также описаны наиболее известные трансгенные линии, среди которых как уже вошедшие в сельское хозяйство, так и лишь недавно полученные. Таким образом, читатель сможет получить общее представление о текущих достижениях в области генетической модификации хлопчатника.

Ключевые слова: хлопчатник, трансгенные растения, агробактериальная трансформация, биолистика, РТТ, магнитофекция пыльцы, ГМ хлопчатник, ТАМ66274

Благодарности: Обзор подготовлен в рамках курса «Генная инженерия сельскохозяйственных растений с практикумом по генной инженерии» программы подготовки магистров «Молекулярная биология и агrobiотехнология растений».

Для цитирования: Смирнов К.В., Матвеева Т.В., Лутова Л.А. Генная инженерия хлопчатника: современное состояние и перспективы. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):25-37. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-05

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Смирнов К.В., Матвеева Т.В., Лутова Л.А., 2022

Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-o5

Genetic engineering of cotton: current status and perspectives

Kirill V. Smirnov^{1,2}, Tatiana V. Matveeva¹, Ludmila A. Lutova¹¹St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia²All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Kirill Vadimovich Smirnov, kirill.vad.smirnov@gmail.com

Currently, several species of the genus *Gossypium* are cultivated to produce fiber. Cotton has been grown for a long time, however, many aspects of its cultivation and processing are still researched. When talking about the agronomy of cotton, some fundamental problems should be mentioned. For example, the amounts of pesticides used in the cultivation of cotton are greater than for any other crop. Chemicals sprayed on cotton are washed away from the fields and pollute fresh water sources, causing significant damage to the environment. Fortunately, such challenges can be overcome by switching to the cultivation of transgenic cotton. The introduction of transgenic cotton has already brought many important environmental, social and economic benefits, including a reduction in the use of pesticides, indirect influence on the increase in yields, minimization of environmental pollution, reduction of economic costs and labor for cultivating the crop. Until today, the main methods of obtaining transgenic cotton lines are still agrobacterial transformation and biolistics. In recent years, however, innovative methods of transformation have also been developed. For example, the pollen tube-mediated introduction of genetic material for obtaining commercial transgenic cotton is actively used in China. Although transgenic lines with resistance to diseases and abiotic stresses, and with improved fiber quality have been obtained in recent decades, the market of transgenic cotton is still dominated by insect- and herbicide-resistant lines. All the above indicates an insufficient integration between institutes as sources of advanced developments and agricultural industry. The present review collected and summarized the results of research on the cultivation and genetic modification of cotton. The main methods of genetic transformation of cultivated representatives of the genus *Gossypium*, both actively used at present and still under development, were considered. Also, the most remarkable transgenic lines were also described, among which are those that have already been adopted by the agricultural industry and those that have been obtained only recently. Thus, the reader will be able to get a general idea of the current achievements in the field of cotton genetic modification.

Keywords: cotton, transgenic plants, agrobacterial transformation, biolistics, PTT, pollen magnetofection, GM cotton, TAM66274**Acknowledgments:** The review was prepared in the framework of the course of “Genetic Engineering of Agricultural Plants with a Workshop on Genetic Engineering” as part of the master’s program “Molecular Biology and Plant Agrobiotechnology”.**For citation:** Smirnov K.V., Matveeva T.V., Lutova L.A. Genetic engineering of cotton: current status and perspectives. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):25-37. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-o5

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal’s opinion is neutral to the presented materials, the author, and his or her employer.

© Smirnov K.V., Matveeva T.V., Lutova L.A., 2022

Введение

Сельское хозяйство вносит значительный вклад в национальную экономику многих стран, особенно развивающихся, при этом хлопчатник является одной из важнейших сельскохозяйственных культур. Хлопчатник возделывают более чем в 70 странах мира, в некоторых из них его даже называют “белым золотом” (Ahmad, Hasanuzzaman, 2020). Хлопковое волокно, ежегодный оборот которого в мире составляет примерно 600 миллиардов долларов, признано уникальным сырьевым ресурсом (Wendel et al., 1992; Lee, Fang, 2015). В первую десятку стран-производителей хлопкового волокна входят Индия, Китай, Соединенные Штаты Америки, Пакистан, Бразилия, Австралия, Узбекистан, Турция, Туркменистан и Буркина-Фасо (Sawan, 2018). Ежегодно в этих странах производится около 25 миллионов тонн хлопка (Tariq et al., 2018).

Хлопчатник представляет собой культуру крайне интересную для агробιοтехнологии. Переработка данного растения обеспечивает сырьем постоянно растущую текстильную промышленность, позволяет получать хлопковое масло, широко применяемое в кулинарии, а богатые белком остатки жмыха в ограниченных количествах (из-за присутствия в них токсичного госсипола) используются в качестве кормовых добавок для сельскохозяйственных животных (Khan et al., 2020). Однако возделывание хлопчатника сопряжено с множеством проблем (Tausif et al., 2018). Одним из способов преодолеть их является получение новых генетически модифицированных (ГМ) линий (Tokel et al., 2021).

На настоящий момент, методы трансформации, благодаря современным передовым технологиям редактирования генома, стали мощным инструментом улучшения качества любой сельскохозяйственной культуры, в том числе и хлопчатника. Трансгенный (ГМ) хлопчатник является одной из первых генетически модифицированных культур. Он получил широкое распространение в середине 1990-х годов после того, как результаты генетической модификации были признаны хлопководами всего мира (Shaheen et al., 2021). ГМ хлопчатник дает огромные преимущества агрономам за счет косвенного увеличения урожайности этой культуры и снижения затрат на её возделывание. Возделывание ГМ хлопчатника приводит к снижению нагрузки на окружающую среду. Например, благодаря сокращению количества используемых пестицидов снижается уровень её загрязнения. Трансгенный хлопчатник также применяют в качестве модельного объекта для исследования фундаментальных генетических, биохимических и морфофизиологических процессов, таких как экспрессия и регуляция генов, биосинтез целлюлозы, а также дифференцировка и формирование волокна (Zamir, 2001).

Методы генетической трансформации хлопчатника

Хлопчатник был среди первых культур, наряду со многими модельными объектами, для которых были получены растения с искусственно измененным генотипом. Первые эксперименты такого рода были осуществлены в 1987 году двумя независимыми группами (Firoozabady et al., 1987, Umbeck et al., 1987). Однако в первые несколько лет достигнутый прогресс был незначительным, в основном из-за того, что регенерация растений посредством соматического эмбриогенеза для хлопчатника оставалась чрезвычайно сложной задачей.

Общеизвестно, что наиболее распространенным методом трансформации растений, включая хлопчатник, является агробактериальная трансформация. Для данного метода принципиально необходимо наличие двух этапов: перенос и интеграция генов интереса в геном, и получение целого растения из трансформированной клетки (Tohidfar et al., 2005; Li et al., 2009a; Nandeshwar et al., 2009; Hashmi et al., 2011).

Несмотря на то, что любая клетка содержит полный набор генетической информации, что позволяет ей потенциально стать целым растением, технология культивирования тканей недостаточно развита, чтобы индуцировать дифференцировку любой клетки с последующим образованием соматического эмбриона (Divya et al., 2008). Таким образом, регенерация растения по-прежнему остается так называемым “бутылочным горлышком” для трансформации многих видов растений, включая хлопчатник (Khan et al., 2006, Rao et al., 2006; Hussain et al., 2009). Во многих лабораториях мира было исследовано влияние различных факторов на соматический эмбриогенез и регенерацию у хлопчатника (Sun et al., 2006). Благодаря совершенствованию методов работы с культурами клеток хлопчатника и прогрессу в изучении процесса регенерации у растений, а также разработке новых технологий трансформации, за последние два десятилетия удалось добиться значительного прогресса в области получения трансгенных генотипов.

Агробактериальная трансформация. *Agrobacterium tumefaciens* (Smith and Townsend) Conn, бактерия семейства Rhizobiaceae Conn, является своеобразным природным инструментом для генетической трансформации. Основопологающим для данного метода является то, что *A. tumefaciens* содержит плазмиду, которая индуцирует формирование опухолей, и поэтому получила название Ti-плазида (Tumor inducing). Ti-плазмиды содержат T-ДНК, которая может встраиваться в геном растения (Gelvin, 2003). С точки зрения генной инженерии наиболее примечательным является то, что в T-ДНК может быть интегрирован любой чужеродный ген с помощью метода получения рекомбинантной ДНК (Firoozabady et al., 1987; Umbeck et al., 1987). В составе T-ДНК этот чужеродный ген может быть перенесен и встроен в геном растения-донора.

Генетическая трансформация хлопчатника, опосредованная агробактериями, представляет собой процесс, который можно условно подразделить на несколько этапов. Получение трансгенного растения начинается с совместного инкубирования агробактерий с ранеными эксплантами, такими как семядоли и гипокотили, после чего за счет селективных маркеров осуществляется отбор успешно трансформированных клеток. Далее проводится регенерация хлопчатника из трансформированных клеток, в основном посредством соматического эмбриогенеза, обнаружение и анализ экспрессии гена интереса в полученных растениях (Yuceer, Kos, 2006).

Говоря о методе агробактериальной трансформации с точки зрения получения трансгенного хлопчатника, необходимо отметить некоторые специфические особенности, влияющие на эффективность и скорость, а иногда и на результативность данного процесса. Например, в настоящее время сразу несколько штаммов агробактерий были успешно использованы для получения трансгенных растений. Среди них наиболее часто используемыми штаммами являются LBA 4404, EHA105 и C58C3. Хотя все эти штаммы и позволяют получать трансгенные растения, исследования показывают, что штамм LBA 4404 значительно эффективнее штамма EHA105 (Sunilkumar, Rathore, 2001) или C58C3 (Jin et al., 2005). Например, при использовании хлопчатника 'Coker-312', принятого в качестве эталона для получения трансгенных форм, эффективность трансформации штаммом LBA 4404 была более чем в два раза выше, чем при использовании агробактерий штамма EHA105 (Sunilkumar, Rathore, 2001), что может быть объяснено с точки зрения специфичности взаимодействия агробактерия-хозяин.

Также на эффективность протекания агробактериальной трансформации может оказывать влияние температурный фактор. Инкубирование агробактерий с эксплантами может проводиться при любой температуре в диапазоне от 21 до 28°C, однако, было установлено, что более низкая температура внутри этого диапазона предпочтительнее, чем более высокая (Sunilkumar, Rathore, 2001).

Природа экспланта также может оказывать значительное влияние на скорость трансформации. В настоящее время используются экспланты преимущественно из семядолей или гипокотилей. Однако несколько лабораторий уже разработали новые стратегии получения трансгенных растений хлопчатника посредством трансформации эмбрионного каллуса (Leelavathi et al., 2004) и апекса (Zapata et al., 1999), которые обладают сравнительно высоким потенциалом для регенерации целого растения.

Введение ацетосирингона (англ. Acetosyringone, AS) в среду для совместного инкубирования, или его предварительное добавление в культуру агробактерий, значительно ускоряет и повышает эффективность трансформации (Sunilkumar, Rathore, 2001; Jin et al., 2005). AS

является фенольным компонентом, который функционирует как сигнальная молекула, индуцируя экспрессию генов *vir* агробактерий, что повышает скорость течения процесса трансформации (Nair et al., 2011).

Наконец, генотипические особенности хлопчатника являются основным барьером для его агробактериальной трансформации. Обусловлено это тем, что у растений не всех линий может быть индуцирован соматический эмбриогенез и не все способны регенерировать из каллуса. Тем не менее, ученые пытаются получать новые линии хлопчатника для преодоления данного барьера (Zhang et al., 2001).

Биолистика. Физический метод, использующий ускоренные микрочастицы для доставки ДНК и других молекул в интактные ткани и клетки, представляет собой альтернативный способ трансформации, используемый для получения трансгенного хлопчатника. Существует несколько различных типов систем для доставки биолисточеских частиц, посредством которых чужеродная генетическая информация вводится в клетку.

Впервые данный метод трансформации на хлопчатнике был применен в 1993 году, когда МакКейб и Мартинелл при помощи генной пушки с использованием высокоскоростных золотых сферических наночастиц, покрытых ДНК, внедрили чужеродные гены в меристематическую ткань (McCabe, Martinell, 1993). При дальнейших исследованиях было установлено, что чужеродные гены стабильно интегрировались и наследовались в потомстве по менделевским законам (McCabe, Martinell, 1993). Позже, путем трансформации различных эксплантов, в геном хлопчатника были аналогично внедрены репортерные гены и гены-мишени, стабильная экспрессия которых окончательно подтвердила эффективность данного метода (Rajasekaran et al., 2000; Rech et al., 2008; Liu et al., 2011).

Основным преимуществом биолисточеской системы доставки частиц является то, что ее можно использовать для преобразования достаточно широкого спектра тканей различных сортов хлопчатника (Finer, McMullen, 1990).

Хорошо известно, что регенерация *in vitro* является сложным, трудоемким процессом и, как правило, применима не для всех культивируемых представителей рода *Gossypium* (Yan et al., 2018). Один из подходов к преодолению этих трудностей включает бомбардировку наночастицами апикальных меристем, из которых могут быть получены трансформированные побеги и растения (Wu et al., 2005; Duncan, 2011). Этот метод позволяет обойти этап получения растения-регенеранта и связанные с этим проблемы, тем самым сокращая время, необходимое для получения трансформантов (Terakawa et al., 2005). К сожалению, из нескольких биолисточеских устройств, о которых сообщалось в литературе (Terakawa et al., 2005), только одно коммерчески доступно на настоящий момент. Bio-Rad (PDS 1000/He) широко используется во многих лабораториях мира. Модифицированная версия этого устройства была использована для транс-

формации ряда сортов бразильского хлопчатника (Aragão et al., 2005). Некоторые другие запатентованные библистические установки также были успешно применены для трансформации зародышевых меристем хлопчатника (Wu et al., 2005).

Однако библистическая система доставки частиц не лишена и минусов, например, она может привести к более высокой частоте возникновения мутаций у хлопчатника и попаданию в клетку множественных копий гена интереса. Также необходимо отметить, что хотя трансформированные клетки и могут быть получены из различных типов тканей, шанс успешной трансформации может сильно варьировать. Например, стабильная трансформация эпидермального слоя наблюдается примерно у 5% проростков, в то время как доля трансформированных клеток при бомбардировке апикальной меристемы составляет лишь 0,71% (Wilkins et al., 2000).

Трансформация посредством пылевой трубки (РТТ). Во время двойного оплодотворения у растений, попавшее на рыльце пестика пылевое зерно прорастает в столбик, формируя пылевую трубку, по которой спермии доставляются в зародышевый мешок, где они и сливаются с яйцеклетками. В достаточно протяженную пылевую трубку, непосредственно, может быть введен чужеродный ген, который по этому пути также может быть доставлен в зародышевый мешок и в оплодотворенную яйцеклетку (рис. 1).

Данный метод трансформации был успешно использован для получения трансгенного хлопчатника, арбуза, сои, пшеницы, папайи и кукурузы (Martin et al., 1992; Huang et al., 1999; Shou et al., 2002; Hao et al., 2011; Ali et al., 2015). Некоторые из полученных таким образом форм широко используются в сельском хозяйстве.

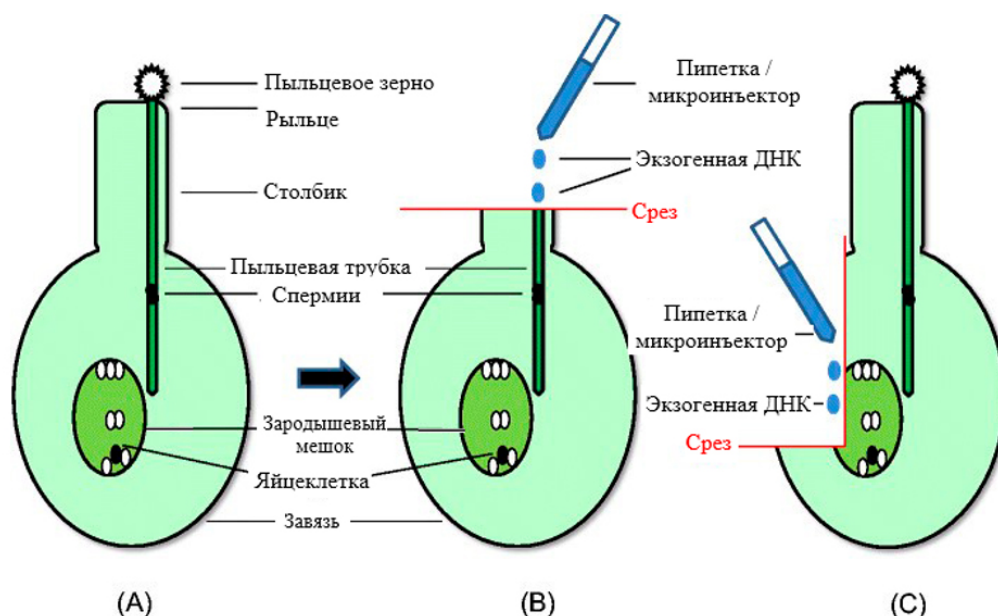


Рис. 1. Схематическое представление переноса генов, опосредованного пылевой трубкой (РТТ) (из Ali et al, 2015)

Обычное оплодотворение (А); нанесение экзогенной ДНК на механически удаленный столбик для облегчения РТТ (В); и непосредственно в семяпочку (С)

Fig. 1. Schematic representation of pollen tube-mediated gene transfer (РТТ) (from Ali et al, 2015)

Normal fertilization (А); application of exogenous DNA to a mechanically removed column to induce РТТ (В); and directly into the ovule (С)

Существует три основных этапа генетической трансформации, осуществляемой с помощью пылевой трубки, которые включают инъекцию экзогенной ДНК в пылевую трубку, интеграцию чужеродных генов в геном растения и отбор трансгенных растений.

Эта технология была впервые применена для генетической трансформации хлопчатника в 1978 году. Чжоу и его коллеги (Zhou et al., 1983) вводили экзоген-

ную геномную ДНК в зародышевые мешки хлопчатника через пылевую трубку, после чего получали относительно большое количество трансформантов, из которых впоследствии смогли отобрать растения для создания ГМ линий хлопчатника (Wang et al., 2013). Позже, для исследования пути проникновения генов интереса через пылевую трубку, посредством данного метода был внедрен репортерный ген *gfp*. В результате было установлено,

что ген интереса экспрессируется как в зародыше хлопчатника, так и в уже сформировавшемся растении, что дает прямые и убедительные цитологические и молекулярно-биохимические доказательства эффективности РТТ (Huang et al., 1999).

Значительным преимуществом данного метода по сравнению с агробактериальной трансформацией является отсутствие необходимости регенерировать растение из каллуса. Также немаловажными являются отсутствие необходимости в дорогостоящем оборудовании и относительная простота осуществления, что в совокупности делает данный метод достаточно доступным для любой лаборатории.

Трансформация посредством магнитофекции пыльцы. Для успешной модификации зародышевой плазмы используются различные методы генной инженерии растений, среди которых биолистика, электропорация, опосредованный агробактериями перенос генов и слияние протопластов (Faranda et al., 1994; Bates, 1995; Clough, Bent, 1998). Однако эти методы трансформации требуют высокого уровня технических знаний и дорогостоящего оборудования для подготовки растительных клеток, осуществления процесса трансформации, а также для последующей успешной регенерации трансгенных растений (Yang et al., 2009). По сравнению с перечисленными подходами, методы трансформации, осуществляемые

посредством пыльцы, считаются более перспективными альтернативами традиционным методам трансформации растений, поскольку они не требуют культивирования тканей, регенерации и, соответственно, лишены связанных с этим проблем, которые зачастую могут значительно усложнить процесс получения трансгенных растений (Zhang et al., 2005). Трансгенные семена получают непосредственно через опыление трансформированной пыльцой, несущей чужеродный генетический материал.

За последние годы спектр молекулярно-биологических исследований, в которых может быть применена технология трансформации растений, был значительно расширен. В настоящее время исследования в данной области концентрируются на проблемах, связанных со стабильным внедрением и надежной экспрессией чужеродной ДНК после ее интеграции (Ahmad et al., 2012). Развитие нанотехнологий позволило использовать принципиально новые подходы к созданию трансгенных растений с применением наночастиц в качестве носителей генетического материала (Torney et al., 2007). При работах с клетками животных, магнитофекция, основанная на магнитных силах, уже признана высокоэффективным методом переноса генов, а именно внедрения ДНК, связанной с магнитными наночастицами (MNPs), в клетки-мишени (рис. 2; Dobson, 2006; Ruf, Bock, 2017).

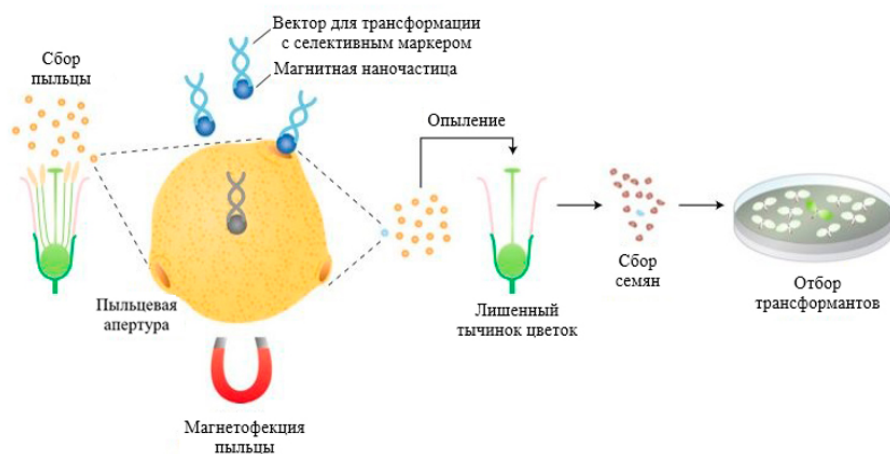


Рис. 2. Получение трансгенных растений посредством магнитофекции пыльцы
(из Ruf, Bock, 2017)

Fig. 2. Generation of transgenic plants by pollen magnetofection
(from Ruf, Bock, 2017)

В последние годы хлопчатник широко используют в качестве репрезентативного и модельного растения для магнитофекции пыльцы. Обусловлено это в первую очередь тем, что оболочку пыльцы хлопчатника пронизывают поры или так называемые пыльцевые апертуры. Эти структуры облегчают доставку чужеродной ДНК через

мембрану внутрь пыльцы. Таким образом, манипулируя направленным потенциалом магнитного поля и используя MNPs в качестве носителя для экзогенной ДНК, которые могут проходить через эти отверстия, становится возможным ее внедрение в пыльцевые зерна. Как правило, для магнитофекции пыльцы хлопчатника используются

MNPs, представляющие собой полиэтиленмин, покрытый Fe_3O_4 . Такие магнитные наночастицы несут положительный заряд и способны электростатически связывать отрицательно заряженную ДНК, в результате чего образуются комплексы MNP/ДНК. Затем при помощи направленного магнитного поля комплексы MNP/ДНК переносятся в собранную пыльцу через поверхностные отверстия. Далее, полученную пыльцу, несущую экзогенную ДНК, используют для опыления растений. На завершающем этапе работы осуществляют отбор успешно трансформированных растений, после чего становится возможным получение новой линии (Ruf, Vock, 2017; Zhang et al., 2019).

Полученные трансгенные линии

Следующим этапом после успешного отбора трансгенных растений хлопчатника является получение коммерческой линии. Необходимо отметить, что данный путь включает множество ступеней, которые необходимо преодолеть для полноценного введения линии в производство. Обычно трансгенные растения необходимо контролировать на предмет агрономических признаков, стабильности чужеродных генов, уровня их экспрессии и биоактивности. При этом для переноса чужеродного гена в коммерческий сорт с хорошими агрономическими характеристиками, как правило, используют возвратные скрещивания. Таким образом, может пройти не менее

двух лет, в лучшем случае, прежде чем трансгенное растение хлопчатника можно будет использовать в полевых условиях.

Трансгенный хлопчатник был впервые использован фермерами-хлопководами в 1994 году в Китае. В 1996 году Bt-хлопчатник (см. ниже раздел: Насекомоустойчивые линии) начали выращивать в США на площади около 730 000 гектаров, а также в Мексике и Австралии на общей площади около 0,8 миллиона гектаров. Два года спустя площадь, засеваемая Bt-хлопчатником удвоилась и составила 1,5 миллиона гектаров, а затем вновь увеличилась до 5,4 миллионов гектаров в 2003 году (Zhang et al., 2005). В настоящее время почти все основные страны, занимающиеся производством хлопка, в той или иной степени внедрили трансгенный хлопчатник (He et al., 2006).

Анализируя перечень запатентованных на настоящий момент коммерческих линий генетически модифицированного хлопчатника, согласно базам данных ISAAA (ISAA GM approval database, 2022) и GenBit (GenBit GM crops database, 2022), наиболее распространенным способом получения ГМ растений хлопчатника все еще со значительным отрывом является агробактериальная трансформация и гибридизация с трансгенными линиями, а доля линий, полученных посредством иных методов трансформации, пока невелика, однако сам факт их наличия уже можно считать значительным агrobiотехнологическим достижением (рис. 3).



Рис. 3. Соотношение способов трансформации, используемых для получения ГМ линий хлопчатника (по базам данных ISAAA и GenBit)

Fig. 3. The ratio of transformation methods used to obtain GM cotton lines (according to ISAAA and GenBit databases)

Рассматривая же совокупность запатентованных линий ГМ хлопчатника и вновь отталкиваясь от данных, представленных в базах данных ISAAA и GenBit, можно отметить достаточно высокую консервативность с точки зрения наиболее часто внедряемых признаков. Наибольшее распространение получили линии с интродуцированными признаками гербицидоустойчивости

и насекомоустойчивости. При этом необходимо отметить, что на настоящий момент в научно-исследовательских лабораториях мира уже были получены трансформированные растения хлопчатника с достаточно широким спектром измененных признаков, однако внедрены данные линии в сельское хозяйство еще не были (рис. 4).



Рис. 4. Соотношение линий ГМ хлопчатника с основными внедряемыми признаками (по базам данных ISAAA и GenBit)

Fig. 4. The ratio of GM cotton lines with the main improved traits (according to ISAAA and GenBit databases)

В последнее время ученые также пытаются разработать гибридный трансгенный хлопчатник посредством скрещивания трансгенных растений с растениями коммерческих нетрансгенных линий, обладающих желаемыми агрономическими характеристиками. Эта технология позволит быстро использовать трансгенные технологии в полевых условиях и значительно интенсифицировать процесс внедрения полученных форм в сельскохозяйственное производство. В настоящее время, полученный таким образом трансгенный гибридный хлопчатник используется только на территории Китая и Индии (Zhang et al., 2019).

Насекомоустойчивые линии. Вредители являются одной из самых серьезных проблем при культивировании хлопчатника в любом регионе. Подсчитано, что вредители могут снижать урожайность на 15-50%, а также влиять на качество волокна. Установлено, что хлопчатник является источником питания для более чем 1320 видов насе-

комых. Большинство вредителей, наносящих вред растениям хлопчатника, относятся к отряду Чешуекрылые (Lepidoptera L.), например, коробочный червь и почковый червь.

Таким образом, с самого начала работы по получению хлопчатника, устойчивого к насекомым, приоритетом является использование трансгенных технологий. Хорошо известно, что пестициды, содержащие *Bacillus thuringiensis* Berliner (Bt), являются эффективными биологическими средствами защиты растений, которые используются в полевых условиях в течение многих лет. Что еще более важно, многие вредители, на которые нацелены Bt, например, хлопковый коробочный червь, наносят значительный ущерб сельскому хозяйству (Baur, Voethel, 2003). В настоящее время многие гены Bt были идентифицированы, секвенированы и охарактеризованы, и некоторые из них были успешно перенесены в растения, включая хлопчатник, сою, кукурузу и томаты.

Полевые и лабораторные биологические исследования показывают, что три основных вредителя хлопчатника, среди которых, мучнистый червь (*Helicoverpa zea* Boddie), табачный почковый червь (*Heliothis virescens* Fabricius) и розовый коробчатый червь (*Pectinophora gossypiella* Saunders) восприимчивы к Bt, и гораздо меньше вредителей может выжить на Bt-хлопчатнике (Li et al., 2007; Gore et al., 2000). Полевые испытания показывают, что Bt-хлопчатник может уменьшить ущерб от гусениц на 93-100%, а также значительно уменьшить повреждение сельскохозяйственных культур чешуекрыльями, питающимися листьями. Как результат, культивирование Bt-хлопчатника может снизить необходимое расходование пестицидов на 70% (Carrière et al., 2007; Ramasundaram et al., 2007).

Гербицидоустойчивые линии. Получение хлопчатника с устойчивостью к гербицидам – это еще одна история успешного внедрения трансгенных растений. Сорняки являются значительной проблемой при возделывании любых культур, включая хлопчатник. Они могут приводить к значительным потерям хлопка, в связи с чем необходимо тщательно контролировать рост сорняков на полях. Было установлено, что на хлопковых полях могут произрастать представители более 30 различных родов сорных растений (Economidou et al., 2016). Самый удобный способ уничтожения сорняков – опрыскивание гербицидами, однако губительные для сорняков гербициды также приводят к гибели или же частичному поражению растений хлопчатника. Таким образом, возникла острая необходимость введения в геном хлопчатника генов устойчивости к гербицидам, которые бы позволили растениям хлопчатника обладать преимуществом при обработке их этими средствами борьбы с сорняками.

Одним из наиболее широко используемых гербицидов является глифосат, активный ингредиент гербицида Раундап. Глифосат – это неселективный гербицид широкого спектра действия, который имеет тенденцию уничтожать любые растения в поле, включая хлопчатник. Поглощаемый растением глифосат воздействует на 5-енолпирувиллицикат-3-фосфатсинтазу (EPSPS), в результате чего блокируется синтез ароматических аминокислот (Steinrücken, Amrhein, 1980). Трансгенный хлопчатник с геном *cp4 EPSPS*, обеспечивающим устойчивость к глифосату, делает растение резистентным сразу ко всем глифосат-содержащим гербицидам (Nida et al., 1996). Данная устойчивость основана на том, что продуктом экспрессии данного гена является фермент, выполняющий аналогичные EPSPS функции (Riar et al., 2011).

В настоящее время в ряде стран, включая США и Австралию, разработано и широко используется несколько коммерческих трансгенных сортов хлопчатника с устойчивостью к различным гербицидам. Внедрение трансгенного хлопчатника, устойчивого к гербицидам, позволило бороться с сорняками гораздо эффективнее и, в результате, эти формы получили целый ряд значительных экономических, социальных и экологических

преимуществ.

Линии с улучшенным качеством. Среди запатентованных линий трансформированного хлопчатника к данной группе относится лишь линия TAM66274 (Rathore et al., 2020). Уникальность данной линии заключается в том, что её семена содержат значительно меньше госсипола.

Госсипол – это терпеноид, синтезируемый и запасываемый в пигментных вместилищах тканей хлопчатника (Withers, Carruth, 1915). Лизигенные вместилища являются одной из основных особенностей трибы Gossypieae, принадлежащей к семейству мальвовых, в которое входят *Gossypium* L. и семь других родов (Fryxell, 1968). Зеленые части хлопчатника, например: листья, прицветники, стенка завязи, содержат в основном госсипол, гемигоссиполон и гелиоциды, в то время как корни содержат госсипол, госсипол-6-метилэфир, госсипол-6,6-диметилэфир и гемигоссипол, дезоксигемигоссипол, гемигоссипол-6-метилэфир и дезоксигемигоссипол-6,6-диметилэфир. Преобладающим же терпеноидом, присутствующим в лепестках цветков и в семенах, является госсипол (Stipanovic et al., 1999; Sunilkumar et al., 2006). Конститутивное присутствие госсипола и родственных терпеноидов играет важную роль в защите хлопчатника от членистоногих вредителей. Также повышение содержания госсипола и связанных с ним терпеноидов наблюдается при микробных инфекциях (Pinki et al., 2018).

У большинства животных, включая человека, госсипол вызывает поражение сердца и печени (Risco et al., 1992; Gadelha et al., 2014). Также у животных, при попадании госсипола в организм, значительно снижается гематокрит и содержание гемоглобина, развивается анемия (Risco et al., 1992). Токсический эффект госсипола обусловлен его способностью хелатировать железо в кишечнике и печени, тем самым снижая его доступность (Core, 2018). Однако госсипол разрушается под действием высоких температур, поэтому масло хлопчатника можно употреблять в пищу после сильного прогрева.

В течение нескольких десятилетий велись поиски способа нивелировать токсическое воздействие госсипола и тем самым повысить полезность и общую экономическую ценность хлопчатника. В результате длительных исследований, в которых были задействованы ученые нескольких десятков лабораторий мира, в 2014 году была наконец получена линия TAM66274 (Rathore et al., 2020). У растений хлопчатника данной линии, полученной посредством агробактериальной трансформации, присутствует RNAi-конструкция под контролем промотора, специфичного для семян. Принцип работы данной конструкции основан на явлении РНК-интерференции, позволяющей осуществлять посттранскрипционный сайленсинг генов (от англ. gene silencing = подавление активности гена). Мишенью конструкции, присутствующей у растений линии TAM66274, является продукт экспрессии гена δ-кадиненсинтазы. Избирательное подавление

его образования привело к снижению уровня содержания госсипола в семенах на 97%. При этом не было отмечено влияния на уровень содержания госсипола и связанных с ним терпеноидов в других частях растения, где они необходимы для защиты от насекомых и патогенов. В ходе полевых испытаний, проведенных в течение нескольких лет в США, была подтверждена стабильность и наследуемость этого признака у хлопчатника без снижения его урожайности, а также качества и иных агрономических показателей волокна и семян (Rathore et al., 2020).

Полученное хлопковое семя с ультранизким содержанием госсипола (ULGCS) считается безопасным для использования в качестве продукта питания человека или корма для животных.

Прочие ГМ линии. Помимо линий хлопчатника, устойчивых к вредителям и гербицидам, к настоящему времени получено уже немало растений ГМ хлопчатника, отличающихся повышенной устойчивостью к абиотическому стрессу, характеризующихся изменениями в процессе биосинтеза целлюлозы, разных по окраске и качеству волокна (Light et al., 2005; Li et al., 2009b; Pasapula et al., 2011; Zhang et al., 2011; Zhu et al., 2011). Были установлены роли целого ряда генов, а также некоторых микроРНК, в процессе инициации формирования и развития хлопкового волокна, а также в процессе ответа на биотический и абиотический стресс. Среди изученных генов также немало таких, которые кодируют транскрипционные факторы, что открывает новый простор для дальнейшей модификации хлопчатника (Mittal et al., 2015; Guo et al., 2016; Wang et al., 2017a; b). Однако эти трансгенные линии хлопчатника все еще находятся на стадии разработки, и им еще предстоит пройти долгий путь, прежде чем их можно будет использовать в сельском хозяйстве в коммерческих масштабах.

Заключение

Хлопчатник безусловно является уникальной сельскохозяйственной культурой. Однако, как и при возделывании любой другой культуры, его культивирование сопряжено с множеством проблем, решение которых позволит сельскому хозяйству выйти на новый уровень.

С каждым годом становится все больше различных способов введения генов интереса в растения, однако для любой культуры необходимо найти свой уникальный подход, то есть крайне важен индивидуальный подбор методов трансформации для каждого отдельно взятого сельскохозяйственного растения (Wilkins et al., 2000).

К сожалению, внедрение получаемых посредством трансформации ГМ линий осуществляется достаточно медленно. В связи с этим разнообразие признаков среди трансгенного хлопчатника относительно небольшое. Однако следует отметить, что в лабораториях мира уже было получено достаточно много крайне примечательных линий, выход на широкий рынок которых способен

изменить сельское хозяйство в целом. Например, благодаря внедрению рассмотренной в данной статье линии TAM66274, хлопчатник может стать дуальной культурой, которую будут выращивать не только ради получения волокна, но и в качестве стабильного источника пищевого масла и белка как для животных, так и для людей, что позволило бы частично снивелировать мировую продовольственную проблему (Rathore et al., 2020).

References/Литература

- Ahmad P., Ashraf M., Younis M., Hu X., Kumar A., Akram N.A., Al-Qurainy F. Role of transgenic plants in agriculture and biopharming. *Biotechnology Advances*. 2012;30(3):524-540. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2011.09.006
- Ahmad S., Hasanuzzaman M. (eds). Cotton production and uses. Agronomy, crop protection, and postharvest technologies. Singapore: Springer Singapore; 2020. DOI: 10.1007/978-981-15-1472-2
- Ali A., Bang S.W., Chung S.-M., Staub J.E. Plant transformation via pollen tube-mediated gene transfer. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2015;33(3):742-747. DOI: 10.1007/s11105-014-0839-5
- Aragão F.J.L., Vianna G.R., Carvalheira S.B.R.C., Rech E.L. Germ line genetic transformation in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) by selection of transgenic meristematic cells with a herbicide molecule. *Plant Science*. 2005;168(5):1227-1233. DOI: 10.1016/j.plantsci.2004.12.024
- Bates G.W. Chapter 26. Electroporation of plant protoplasts and tissues. In: *Methods in Cell Biology*. 1995;50:363-373. DOI: 10.1016/S0091-679X(08)61043-2
- Baur M.E., Boethel D.J. Effect of Bt-cotton expressing Cry1A(c) on the survival and fecundity of two hymenopteran parasitoids (Braconidae, Encyrtidae) in the laboratory. *Biological Control*. 2003;26(3):325-332. DOI: 10.1016/S1049-9644(02)00160-3
- Carrière Y., Ellers-Kirk C., Biggs R.W., Sims M.A., Dennehy T.J., Tabashnik B.E. Effects of resistance to Bt cotton on diapause in the pink bollworm, *Pectinophora gossypiella*. *Journal of Insect Science*. 2007;7:1-12. DOI: 10.1673/031.007.4901
- Clough S.J., Bent A.F. Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*. 1998;16(6):735-743. DOI: 10.1046/j.1365-3113.1998.00343.x
- Cope R.B. Cottonseed toxicity. In: *Veterinary Toxicology*. Elsevier; 2018. p.967-980. DOI: 10.1016/B978-0-12-811410-0.00068-4
- Divya K., Anuradha T., Jami S.K., Kirti P.B. Efficient regeneration from hypocotyl explants in three cotton cultivars. *Biologia Plantarum*. 2008;52(2):201-208. DOI: 10.1007/s10535-008-0046-z
- Dobson J. Gene therapy progress and prospects: magnetic nanoparticle-based gene delivery. *Gene Therapy*. 2006;13(4):283-287. DOI: 10.1038/sj.gt.3302720
- Duncan D.R. Organogenesis and embryogenesis in plant genetic transformation. In: Dan Y., Ow D.W. (eds). Plant Transformation. Vol. 1. Historical in: *Plant Transformation*. Hilversum, The Netherlands: Bentham Science Publishers, 2011; p.46-54. DOI: 10.2174/978160805248611101010046
- Economou G., Uludag A., Krähmer H. Summary of global cotton weed distribution. In: Krähmer H. (ed.). Atlas of weed mapping. Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd; 2016. p.102-102. DOI: 10.1002/9781118720691.ch10
- Faranda S., Genga A., Viotti A., Manzocchi L.A. Stably transformed cell lines from protoplasts of maize endosperm suspension cultures. *Plant Cell Tissue and Organ Culture*. 1994;37(1):39-46. DOI: 10.1007/BF00048115
- Finer J.J., McMullen M.D. Transformation of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) via particle bombardment. *Plant Cell Reports*. 1990;8(10):586-589. DOI: 10.1007/BF00270059
- Firoozabady E., DeBoer D.L., Merlo D.J., Halk E.L., Amerson L.N., Rashka K.E., Murray E.E. Transformation of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) by *Agrobacterium tumefaciens* and regeneration of transgenic plants. *Plant molecular biology*. 1987;10(2):105-116. DOI: 10.1007/BF00016148

- Fryxell P.A. A redefinition of the tribe Gossypieae. *Botanical Gazette*. 1968;129(4):296-308. DOI: 10.1086/336448
- Gadelha I.C.N., Fonseca N.B.S., Oloris S.C.S., Melo M.M., Soto-Blanco B. Gossypol toxicity from cottonseed products. *The Scientific World Journal*. 2014(2014):231635. DOI: 10.1155/2014/231635
- Gelvin S.B. *Agrobacterium*-mediated plant transformation: the biology behind the “gene-jockeying” tool. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 2003;67(1):16-37. DOI: 10.1128/MMBR.67.1.16-37.2003
- Gore J., Leonard B.R., Church G.E., Russell J.S., Hall T.S. Cotton boll abscission and yield losses associated with first-instar bollworm (Lepidoptera: Noctuidae) injury to nontransgenic and transgenic Bt cotton. *Journal of Economic Entomology*. 2000;93(3):690-696. DOI: 10.1603/0022-0493-93.3.690
- GenBit GM crops database. URL: <https://genbitgroup.com/en/gmo/gmodatabase/index.php> [дата обращения: 09.02.2022]
- Guo K., Du X., Tu L., Tang W., Wang P., Wang M., Liu Z., Zhang X. Fibre elongation requires normal redox homeostasis modulated by cytosolic ascorbate peroxidase in cotton (*Gossypium hirsutum*). *Journal of Experimental Botany*. 2016;67(11):3289-3301. DOI: 10.1093/jxb/erw146
- Hao J., Niu Y., Yang B., Gao F., Zhang L., Wang J., Hasi A. Transformation of a marker-free and vector-free antisense ACC oxidase gene cassette into melon via the pollen-tube pathway. *Biotechnology Letters*. 2011;33(1):55-61. DOI: 10.1007/s10529-010-0398-2
- Hashmi J.A., Zafar Y., Arshad M., Mansoor S., Asad S. Engineering cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for resistance to cotton leaf curl disease using viral truncated AC1 DNA sequences. *Virus Genes*. 2011;42(2):286-296. DOI: 10.1007/s11262-011-0569-9
- He K., Wang Z., Bai S., Zheng L., Wang Y., Cui H. Efficacy of transgenic Bt cotton for resistance to the Asian corn borer (Lepidoptera: Crambidae). *Crop Protection*. 2006;25(2):167-173. DOI: 10.1016/j.cropro.2005.04.003
- Huang G., Dong Y., Sun J. Introduction of exogenous DNA into cotton via the pollen-tube pathway with GFP as a reporter. *Chinese Science Bulletin*. 1999;44:698-701. DOI: 10.1007/BF02909705
- Hussain S.S., Rao A.Q., Husnain T., Riazuddin S. Cotton somatic embryo morphology affects its conversion to plant. *Biologia Plantarum*. 2009;53(2):307-311. DOI: 10.1007/s10535-009-0055-6
- ISAA GM approval database. URL: <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/default.asp> [дата обращения: 09.02.2022]
- Jin S., Zhang X., Liang S., Nie Y., Guo X., Huang C. Factors affecting transformation efficiency of embryogenic callus of Upland cotton (*Gossypium hirsutum*) with *Agrobacterium tumefaciens*. *Plant Cell Tissue and Organ Culture*. 2005;81(2):229-237. DOI: 10.1007/s11240-004-5209-9
- Khan T., Singh A.K., Pant R.C. Regeneration via somatic embryogenesis and organogenesis in different cultivars of cotton (*Gossypium* spp.). *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant*. 2006;42(6):498-501. DOI: 10.1079/IVP2006802
- Khan M.A., Wahid A., Ahmad M., Tahir M.T., Ahmed M., Ahmad S., Hasanuzzaman M. World cotton production and consumption: an overview. In: Ahmad S., Hasanuzzaman M. (eds). *Cotton Production and Uses*. Singapore: Springer Singapore; 2020. p.1-7. DOI: 10.1007/978-981-15-1472-2_1
- Lee J.A., Fang D.D. Cotton as a world crop: origin, history, and current status. In: Fang D.D., Percy R.G. (eds). *Cotton*. 2nd ed. Madison, WI, USA: American Society of Agronomy, Inc., Crop Science Society of America, Inc., Soil Science Society of America, Inc.; 2015. p. 1-23. (Agronomy Monographs; vol. 57). DOI: 10.2134/agronmonogr57.2013.0019
- Leelavathi S., Sunnichan V.G., Kumria R., Vijaykath G.P., Bhatnagar R.K., Reddy V.S. A simple and rapid *Agrobacterium*-mediated transformation protocol for cotton (*Gossypium hirsutum* L.): Embryogenic calli as a source to generate large numbers of transgenic plants. *Plant Cell Reports*. 2004;22(7):465-470. DOI: 10.1007/s00299-003-0710-x
- Li F.-F., Wu S.-J., Chen T.-Z., Zhang J., Wang H.-H., Guo W.-Z., Zhang T.-Z. *Agrobacterium*-mediated co-transformation of multiple genes in upland cotton. *Plant Cell Tissue and Organ Culture*. 2009a;97(3):225-235. DOI: 10.1007/s11240-009-9521-2
- Li F., Wu S., Lü F., Chen T., Ju M., Wang H., Jiang Y., Zhang J., Guo W., Zhang T. Modified fiber qualities of the transgenic cotton expressing a silkworm *fibroin* gene. *Chinese Science Bulletin*. 2009b;54:1210-1216. DOI: 10.1007/s11434-009-0142-2
- Li Y.-X., Greenberg S.M., Liu T.-X. Effect of Bt cotton expressing Cry1Ac and Cry2Ab, non-Bt cotton and starvation on survival and development of *Trichoplusia ni* (Lepidoptera: Noctuidae). *Pest management science*. 2007;63(5):476-482. DOI: 10.1002/ps.1371
- Light G.G., Mahan J.R., Roxas V.P., Allen R.D. Transgenic cotton (*Gossypium hirsutum* L.) seedlings expressing a tobacco glutathione S-transferase fail to provide improved stress tolerance. *Planta*. 2005;222(2):346-354. DOI: 10.1007/s00425-005-1531-7
- Liu J.F., Wang X.F., Li Q.L., Li X., Zhang G.Y., Li M.G., Ma Z.Y. Biolistic transformation of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) with the *phyA* gene from *Aspergillus ficuum*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*. 2011;106:207-214. DOI: 10.1007/s11240-010-9908-0
- Martin N., Forgeois P., Picard E. Investigations on transforming *Triticum aestivum* via the pollen tube pathway. *Agronomie*. 1992;12(7):537-544. DOI: 10.1051/agro:19920705
- McCabe D.E., Martinell B.J. Transformation of elite cotton cultivars via particle bombardment of meristems. *Nature Biotechnology*. 1993;11:596-598. DOI: 10.1038/nbt0593-596
- Mittal A., Jiang Y., Ritchie G.L., Burke J.J., Rock C.D. At *RAV1* and At *RAV2* overexpression in cotton increases fiber length differentially under drought stress and delays flowering. *Plant Science*. 2015;241:78-95. DOI: 10.1016/j.plantsci.2015.09.013
- Nair G.R., Lai X., Wise A.A., Rhee B.W., Jacobs M., Binns A.N. The integrity of the periplasmic domain of the VirA sensor kinase is critical for optimal coordination of the virulence signal response in *Agrobacterium tumefaciens*. *Journal of Bacteriology*. 2011;193(6):1436-1448. DOI: 10.1128/JB.01227-10
- Nandeshwar S.B., Moghe S., Chakrabarty P.K., Deshattiwar M.K., Kranthi K., Anandkumar P., Mayee C.D., Khadi B.M. *Agrobacterium*-mediated transformation of *cry1Ac* gene into shoot-tip meristem of diploid cotton *Gossypium arboreum* cv. RG8 and regeneration of transgenic plants. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2009;27(4):549-557. DOI: 10.1007/s11105-009-0102-7
- Nida D.L., Kolacz K.H., Buehler R.E., Deaton W.R., Schuler W.R., Armstrong T.A., Taylor M.L., Ebert C.C., Rogan G.J., Padgett S.R., Fuchs R.L. Glyphosate-tolerant cotton: genetic characterization and protein expression. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 1996;44(7):1960-1966. DOI: 10.1021/jf9505640
- Pasapula V., Shen G., Kuppu S., Paez-Valencia J., Mendoza M., Hou P., Chen J., Qiu X., Zhu L., Zhang X., Auld D., Blumwald E., Zhang H., Gaxiola R., Payton P. Expression of an *Arabidopsis* vacuolar H⁺-pyrophosphatase gene (*AVP1*) in cotton improves drought- and salt tolerance and increases fibre yield in the field conditions. *Plant Biotechnology Journal*. 2011;9(1):88-99. DOI: 10.1111/j.1467-7652.2010.00535.x
- Pinkii, Siwach S.S., Sangwan R.S., Singh S., Mor V.S., Mandhania S., Rohila S., Rohila N. Estimation of biochemical parameters in different environments in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2018;7(04):1624-1629. DOI: 10.20546/ijcmas.2018.704.183
- Rajasekaran K., Hudspeth R.L., Cary J.W., Anderson D.M., Cleveland T.E. High-frequency stable transformation of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) by particle bombardment of embryogenic cell suspension cultures. *Plant Cell Reports*. 2000;19:539-545. DOI: 10.1007/s002990050770
- Ramasundaram P., Vennila S., Ingle R.K. Bt cotton performance and constraints in Central India. *Outlook on Agriculture*. 2007;36(3):175-180. DOI: 10.5367/000000007781891487
- Rao A.Q., Hussain S.S., Shahzad M.S., Bokhari S.Y.A., Raza M.H., Rakha A., Majeed A., Shahid A.A., Saleem Z., Husnain T., Riazuddin S. Somatic embryogenesis in wild relatives of cotton (*Gossypium* spp.). *Journal of Zhejiang University-SCIENCE B*. 2006;7(4):291-298. DOI: 10.1631/jzus.2006.B0291
- Rathore K.S., Pandeya D., Campbell L.M., Wedegaertner T.C.,

- Puckhaber L., Stipanovic R.D., Thenell J.S., Hague S., Hake K. Ultra-low gossypol cottonseed: selective gene silencing opens up a vast resource of plant-based protein to improve human nutrition. *Critical Reviews in Plant Sciences*. 2020;39(1):1-29. DOI: 10.1080/07352689.2020.1724433
- Rech E.L., Vianna G.R., Aragão F.J.L. High-efficiency transformation by biolistics of soybean, common bean and cotton transgenic plants. *Nature protocols*. 2008;3(3):410-418. DOI: 10.1038/nprot.2008.9
- Riar D.S., Norsworthy J.K., Griffith G.M. Herbicide programs for enhanced glyphosate-resistant and glufosinate-resistant cotton (*Gossypium hirsutum*). *Weed Technology*. 2011;25(4):526-534. DOI: 10.1614/WT-D-11-00027.1
- Risco C.A., Holmberg C.A., Kutches A. Effect of graded concentrations of gossypol on calf performance: toxicological and pathological considerations. *Journal of Dairy Science*. 1992;75(10):2787-2798. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(92)78042-4
- Ruf S., Bock R. Loopholes for smuggling DNA into pollen. *Nature Plants*. 2017;3(12):918-919. DOI: 10.1038/s41477-017-0072-y
- Sawan Z.M. Climatic variables: evaporation, sunshine, relative humidity, soil and air temperature and its adverse effects on cotton production. *Information Processing in Agriculture*. 2018;5(1):134-148. DOI: 10.1016/j.inpa.2017.09.006
- Shaheen M., Ali M.Y., Muhammad T., Qayyum M.A., Atta S., Bashir S., Bashir M.A., Hashim S., Hashem M., Alamri S. New promising high yielding cotton Bt-Variety RH-647 adapted for specific agro-climatic zone. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 2021;28(8):4329-4333. DOI: 10.1016/j.sjbs.2021.04.019
- Shou H., Palmer R.G., Wang K. Irreproducibility of the soybean pollen-tube pathway transformation procedure. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2002;20:325-334. DOI: 10.1007/BF02772120
- Steinrücken H.C., Amrhein N. The herbicide glyphosate is a potent inhibitor of 5-enolpyruvylshikimic acid-3-phosphate synthase. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. 1980;94(4):1207-1212. DOI: 10.1016/0006-291X(80)90547-1
- Stipanovic R., Benedict C., Bell A. Cotton Pest Resistance: The Role of Pigment Gland Constituents. In: Cutler H., Cutler S. (eds). Biologically active natural products. CRC Press LLC; 1999. DOI: 10.1201/9781420048629.ch18
- Sun Y., Zhang X., Huang C., Guo X., Nie Y. Somatic embryogenesis and plant regeneration from different wild diploid cotton (*Gossypium*) species. *Plant Cell Reports*. 2006;25(4):289-296. DOI: 10.1007/s00299-005-0085-2
- Sunilkumar G., Campbell L.M., Puckhaber L., Stipanovic R.D., Rathore K.S. Engineering cottonseed for use in human nutrition by tissue-specific reduction of toxic gossypol. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2006;103(48):18054-18059. DOI: 10.1073/pnas.0605389103
- Sunilkumar G., Rathore K.S. Transgenic cotton: factors influencing *Agrobacterium*-mediated transformation and regeneration. *Molecular Breeding*. 2001;8:37-52. DOI: 10.1023/A:1011906701925
- Tariq M., Afzal M.N., Muhammad D., Ahmad S., Shahzad A.N., Kiran A., Wakeel A. Relationship of tissue potassium content with yield and fiber quality components of Bt cotton as influenced by potassium application methods. *Field Crops Research*. 2018;229:37-43. DOI: 10.1016/j.fcr.2018.09.012
- Tausif M., Jabbar A., Naem M.S., Basit A., Ahmad F., Cassidy T. Cotton in the new millennium: advances, economics, perceptions and problems. *Textile Progress*. 2018;50(1):1-66. DOI: 10.1080/00405167.2018.1528095
- Terakawa T., Hasegawa H., Yamaguchi M. Efficient whisker-mediated gene transformation in a combination with supersonic treatment. *Breeding Science*. 2005;55(4):465-468. DOI: 10.1270/jsbbs.55.465
- Tohidfar M., Mohammadi M., Ghareyazie B. *Agrobacterium*-mediated transformation of cotton (*Gossypium hirsutum*) using a heterologous bean chitinase gene. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*. 2005;83:83-96. DOI: 10.1007/s11240-004-6155-2
- Tokel D., Genc B.N., Ozyigit I.I. Economic impacts of Bt (*Bacillus thuringiensis*) cotton. *Journal of Natural Fibers*. 2021;1-18. DOI: 10.1080/15440478.2020.1870613
- Torney F., Trewn B.G., Lin V.S.-Y., Wang K. Mesoporous silica nanoparticles deliver DNA and chemicals into plants. *Nature Nanotechnology*. 2007;2(5):295-300. DOI: 10.1038/nnano.2007.108
- Umbeck P., Johnson G., Barton K., Swain W. Genetically transformed cotton (*Gossypium hirsutum* L.) plants. *Nature Biotechnology*. 1987;5:263-266. DOI: 10.1038/nbt0387-263
- Wang C., He X., Wang X., Zhang S., Guo X. ghr-miR5272a-mediated regulation of *GhMCK6* gene transcription contributes to the immune response in cotton. *Journal of Experimental Botany*. 2017a;68(21-22):5895-5906. DOI: 10.1093/jxb/erx373
- Wang M., Sun R., Li C., Wang Q., Zhang B. MicroRNA expression profiles during cotton (*Gossypium hirsutum* L.) fiber early development. *Scientific reports*. 2017b;7:44454. DOI: 10.1038/srep44454
- Wang M., Zhang B., Wang Q. Cotton transformation via pollen tube pathway. In: Zhang B. (ed.). *Transgenic Cotton: Methods and Protocols*. Totowa, NJ: Humana Press; 2013. p.71-77. (Methods in Molecular Biology; vol. 958). DOI: 10.1007/978-1-62703-212-4_6
- Wendel J.F., Brubaker C.L., Percival A.E. Genetic diversity in *Gossypium hirsutum* and the origins of Upland cotton. *American Journal of Botany*. 1992;79(11):1291-1310. DOI: 10.1002/j.1537-2197.1992.tb13734.x
- Wilkins T.A., Rajasekaran K., Anderson D.M. Cotton biotechnology. *Critical Reviews in Plant Sciences*. 2000;19(6):511-550. DOI: 10.1080/07352680091139286
- Withers W.A., Carruth F.E. Gossypol—a toxic substance in cottonseed. A preliminary note. *Science*. 1915;41(1052):324. DOI: 10.1126/science.41.1052.324.b
- Wu J., Zhang X., Nie Y., Luo X. High-efficiency transformation of *Gossypium hirsutum* embryogenic calli mediated by *Agrobacterium tumefaciens* and regeneration of insect-resistant plants. *Plant Breeding*. 2005;124(2):142-146. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2004.01056.x
- Yan S., Zhu W., Zhang B., Zhang X., Zhu J., Shi J., Wu P., Wu F., Li X., Zhang Q., Liu X. Pollen-mediated gene flow from transgenic cotton is constrained by physical isolation measures. *Scientific Reports*. 2018;8(1):2862. DOI: 10.1038/s41598-018-21312-1
- Yang A., Su Q., An L., Liu J., Wu W., Qiu Z. Detection of vector- and selectable marker-free transgenic maize with a linear *GFP* cassette transformation via the pollen-tube pathway. *Journal of Biotechnology*. 2009;139(1):1-5. DOI: 10.1016/j.jbiotec.2008.08.012
- Yuceer S.U., Koc N.K. *Agrobacterium*-mediated transformation and regeneration of cotton plants. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2006;53(3):413-417. DOI: 10.1134/S1021443706030198
- Zamir D. Improving plant breeding with exotic genetic libraries. *Nature Reviews Genetics*. 2001;2(12):983-989. DOI: 10.1038/35103590
- Zapata C., Park S.H., El-Zik K.M., Smith R.H. Transformation of a Texas cotton cultivar by using *Agrobacterium* and the shoot apex. *Theoretical and Applied Genetics*. 1999;98:252-256. DOI: 10.1007/s001220051065
- Zhang B.-H., Feng R., Liu F., Zhou D.-Y., Wang Q.-L. Direct somatic embryogenesis and plant regeneration from cotton (*Gossypium hirsutum* L.) explants. *Israel Journal of Plant Sciences*. 2001;49(3):193-196. DOI: 10.1560/406W-UWRP-B01G-0Q0E
- Zhang M., Zheng X., Song S., Zeng Q., Hou L., Li D., Zhao J., Wei Y., Li X., Luo M., Xiao Y., Luo X., Zhang J., Xiang C., Pei Y. Spatiotemporal manipulation of auxin biosynthesis in cotton ovule epidermal cells enhances fiber yield and quality. *Nature Biotechnology*. 2011;29:453-458. DOI: 10.1038/nbt.1843
- Zhang R., Meng Z., Abid M.A., Zhao X. Novel pollen magnetofection system for transformation of cotton plant with magnetic nanoparticles as gene carriers. In: Zhang B. (ed.). *Transgenic cotton: methods and protocols*. New York, New York, NY: Springer; 2019. p.47-54. (Methods in Molecular Biology; vol. 1902). DOI: 10.1007/978-1-4939-8952-2_4
- Zhang Y., Yin X., Yang A., Li G., Zhang J. Stability of inheritance of transgenes in maize (*Zea mays* L.) lines produced using different transformation methods. *Euphytica*. 2005;144:11-22. DOI: 10.1007/s10681-005-4560-1
- Zhou G., Weng J., Zeng Y., Huang J., Qian S., Liu G. Introduction of exogenous DNA into cotton embryos. In: *Methods in Enzymology*. Elsevier; 1983. Vol. 101. p.433-481.

Информация об авторах

Кирилл Вадимович Смирнов, магистрант, кафедра генетики и биотехнологии, биологический факультет, Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9; инженер-исследователь, лаборатория протеомики надорганизменных систем, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3, kirill.vad.smirnov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2875-3798>

Татьяна Валерьевна Матвеева, доктор биологических наук, профессор, кафедра генетики и биотехнологии, биологический факультет, Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, t.v.matveeva@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8569-6665>

Людмила Алексеевна Лутова, доктор биологических наук, профессор, кафедра генетики и биотехнологии, биологический факультет, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, Россия, l.lutova@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6125-0757>

Information about the authors

Kirill V. Smirnov, Master's degree student, Department of Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia; Research engineer, Laboratory for Proteomics of Supra-Organismal Systems, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg 196608, Russia, kirill.vad.smirnov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2875-3798>

Tatiana V. Matveeva, Dr. Sci. (Biol.), Professor, Department of Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia, t.v.matveeva@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8569-6665>

Ludmila A. Lutova, Dr. Sci. (Biol.), Professor, Department of Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia, l.lutova@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6125-0757>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 15.04.2022; одобрена после рецензирования 27.05.2022; принята к публикации 28.06.2022

The article was submitted 15.04.2022; approved after reviewing 27.05.2022; accepted for publication on 28.06.2022.

Краткое сообщение

УДК 575.084:575.1:575.2:575.8:577.21

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-04



Об итогах Первого научного форума «Генетические ресурсы России»: перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биоресурсных коллекций

И. А. Тихонович^{1,2,3}, Д. В. Гельтман⁴, Н. С. Чернецов⁵, Н. А. Михайлова⁶, А. С. Глотов⁷, В. К. Хлесткин^{8,9}, Ю. В. Ухатова¹⁰, А. А. Заварзин¹⁰, А. А. Нижников^{1,3}, Е. К. Хлесткина¹⁰

¹Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Санкт-Петербург, Россия

²Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

³Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

⁴Ботанический институт имени В.Л. Комарова Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁵Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁶Институт цитологии Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁷Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта, Санкт-Петербург, Россия

⁸Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

⁹Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

¹⁰Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Константиновна Хлесткина, director@vir.nw.ru

Под эгидой Первого научного форума «Генетические ресурсы России», состоявшегося в Санкт-Петербурге 21-24 июня 2022 года, были проведены девять отдельных научных конференций и школ-конференций, посвященных вопросам сохранения, развития, изучения и практического использования биологических коллекций разного типа. На этих мероприятиях были в общей сложности представлены более 300 устных докладов. Пленарные заседания Форума, включавшие 25 лекций, собрали более 1500 слушателей. На мероприятиях Форума были всесторонне обсуждены перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биологических коллекций. Результаты этих обсуждений представлены в настоящей публикации в виде резолюции Форума. Подчеркивается стратегическая роль биологических коллекций для сохранения генетического разнообразия, для научно-технического развития общества и для обеспечения образовательных процессов. Благодаря этой стратегической базе, которую необходимо развивать и обеспечивать, становится возможной и реализация практических задач, связанных с ответом на вызовы в сфере продовольственной и экологической безопасности, здравоохранения и технологической независимости в активно развивающихся сферах экономики.

Ключевые слова: биологические коллекции, биоресурсные центры, биотехнология, биоэкономика, генетические ресурсы, генетические технологии, геномика, научно-технологическое развитие, сохранение генетического разнообразия

Для цитирования: Тихонович И.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А., Нижников А.А., Хлесткина Е.К. Об итогах Первого научного форума «Генетические ресурсы России»: перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биоресурсных коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):38-47. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-04

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Тихонович И.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А., Нижников А.А., Хлесткина Е.К., 2022

Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-04

On the results of the First Scientific Forum «Genetic Resources of Russia»: prospects for development, research and practical potential of bio-collections

Igor A. Tikhonovich^{1,2,3}, Dmitry V. Geltman⁴, Nikita S. Chernetsov⁵, Natalia A. Mikhailova⁶, Andrey S. Glotov⁷, Vadim K. Khlestkin^{8,9}, Yulia V. Ukhatova¹⁰, Alexey A. Zavarzin¹⁰, Anton A. Nizhnikov^{1,3}, Elena K. Khlestkina¹⁰

¹Vavilov Society of Geneticists and Breeders, St. Petersburg, Russia

²All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Pushkin, St. Petersburg, Russia

³St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

⁴Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁵Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁶Institute of Cytology of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁷The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D.O. Ott, St. Petersburg, Russia

⁸All-Russian research institute of genetics and breeding of farm animals branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZH named after academician L.K. Ernst”, Pushkin, St. Petersburg, Russia

⁹Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

¹⁰N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Corresponding author: Elena K. Khlestkina, director@vir.nw.ru

Nine separate scientific conferences and school-conferences dedicated to the conservation, development, study and practical use of biological collections of various types were held under the auspices of the First Scientific Forum “Genetic Resources of Russia”, which took place in Saint Petersburg on 21-24 June 2022. A total of more than 300 oral presentations were made at these events. The Forum plenary sessions, which included 25 lectures, attracted more than 1,500 participants. The development prospects, research and scientific-practical potential of biological collections were thoroughly discussed at the events of the Forum. The results of these discussions are presented in this publication in the form of a Forum resolution. The strategic role of biological collections for the conservation of genetic diversity, for the scientific and technological development of society and for the provision of educational processes is emphasized. This strategic framework, which should be developed and maintained, also makes it possible to implement practical tasks related to meeting the challenges in the field of food and environmental security, health care and technological independence in the rapidly developing spheres of the economy.

Key words: biocollections, bioresource centres, biotechnology, bioeconomy, genetic resources, genetic technologies, genomics, scientific and technological development, genetic diversity conservation

For citation: Tikhonovich I.A., Geltman D.V. Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Ukhatova Y.V., Zavarzin A.A., Nizhnikov A.A., Khlestkina E.K. On the results of the First Scientific Forum «Genetic Resources of Russia»: prospects for development, research and practical potential of bio-collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):38-47. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-04

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the author, and his or her employer.

© Tikhonovich I.A., Geltman D.V. Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Ukhatova Y.V., Zavarzin A.A., Nizhnikov A.A., Khlestkina E.K., 2022

Введение

Стратегическая значимость биологических коллекций состоит в сохранении генетического разнообразия, обеспечении базиса для научно-технического развития общества, обеспечении образовательных процессов, повышении конкурентоспособности отечественной науки в сфере развития генетических технологий и в создании на высокотехнологической основе фундамента для будущих практических разработок. Именно поэтому тематика развития биоресурсных коллекций стала неотъемлемой частью Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (утверждена постановлением Правительства Российской Федерации от 22 апреля 2019 г. № 479 (Collection of Legislative Acts RF, 2019)).

Благодаря решению стратегических задач в сфере биологических коллекций становится возможной и реализация их потенциала для практической деятельности: сохранение и изучение коллекций лежит в основе научно-производственных и научно-технологических цепочек, играющих ключевую роль для развития различных сфер экономики, для решения вызовов в сфере продовольственной безопасности и здравоохранения.

Первый научный форум «Генетические ресурсы России», состоявшийся в Санкт-Петербурге 21-24 июня 2022 года, впервые объединил представителей отечественных организаций-держателей биологических коллекций разного типа на общем профильном мероприятии такого масштаба. Форум охватил тематику по коллекциям микроорганизмов, коллекциям культур клеток человека и животных, коллекциям биологических материалов человека, коллекциям сельскохозяйственных растений и гербарным фондам биологического разнообразия растений, коллекциям сельскохозяйственных животных и птицы, диких и лабораторных животных, находящихся в живом разведении, а также зоологическим коллекциям.

Пленарные докладчики форума не только осветили основные вопросы деятельности с биологическими коллекциями, их роль для науки и практики, основные достижения и перспективы развития перед участниками Форума, но и целенаправленно адресовали их для более широкой аудитории слушателей в сети Интернет (Genetic Resources of Russia, 2022a; 2022b) – студентов, учащихся, заинтересованных граждан, ответственных лиц различных государственных органов и организаций – с целью

популяризации темы, связанной с биологическими коллекциями, развитием бережного и внимательного отношения к генетическим ресурсам, которыми богата Российская Федерация. 25 пленарных докладов были заслушаны более 500 участниками форума и слушателями (более 1500 просмотров 21 июня и более 500 – 24 июня; Khlestkina et al., 2022). По тематике пленарных докладов форума выпущены пресс-релизы (News of the first scientific Forum “Genetic Resources of Russia”, 2022).

Кроме того, на пленарных заседаниях и отдельных мероприятиях Форума обсуждались общие вопросы, актуальные для всех направлений. Это вопросы менеджмента в сфере биологических коллекций, методические подходы и стандарты, вопросы в сфере правового регулирования.

Отдельно следует отметить, что для всех типов коллекций являются актуальными и во многом сходными вопросы, связанные с использованием современных информационных и биологических (в том числе генетических, геномных, постгеномных) технологий для сохранения и изучения генетических ресурсов (в качестве примера перечень технологий и направления их использования описаны в Khlestkina, 2022). Именно эти аспекты стали наиболее обсуждаемыми на Форуме, а состоявшийся обмен опытом по этому направлению признан чрезвычайно ценным.

Более специализированное обсуждение вопросов по каждому типу биологических коллекций получило развитие 22 и 23 июня на параллельных конференциях, перечень которых представлен в Таблице. Конференции по итогам заслушанных на них докладов и прошедших обсуждений представили свои рекомендации по перспективам развития, научно-исследовательскому и научно-практическому потенциалу коллекций, которые были учтены при подготовке резолюции Форума.

Всего на девяти конференциях было представлено более 300 устных докладов. Также 17 июня состоялось сателлитное мероприятие Форума – Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями». В публикации (Khlestkina et al., 2022) представлены итоги работы Форума и его резолюция, относящиеся к правовому регулированию в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров. В настоящем сообщении мы представляем итоги Форума и резолюцию в отношении научно-технических, научно-исследовательских и прикладных аспектов в сфере биологических коллекций.

Таблица. Конференции под эгидой Первого научного форума «Генетические ресурсы России»
Table. Conferences held under the auspices of the First Scientific Forum “Genetic Resources of Russia”

	Название конференции/ Conference title	Основной организатор/ Principal Organiser	Web-страница мероприятия/ The WEB page of the event
1	Всероссийская конференция «Генетические ресурсы растений для генетических технологий: к 100-летию Пушкинских лабораторий ВИР»	Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург	URL: http://www.vir.nw.ru/blog/2021/10/29/brk2021/
2	Всероссийская школа-конференция «Сохранение и преемственность генетических ресурсов микроорганизмов»	Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург	URL: https://brc.arriam.ru/
3	Всероссийская конференция «Коллекции как основа изучения генетических ресурсов растений и грибов»	Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург	URL: https://www.binran.ru/science/konferentsii-i-shkoly/vserossiyskaya-konferentsiya-kollektsii-kak-osnova-izucheniya-geneticheskikh-resursov-rasteniy-i-gri/
4	Всероссийская школа-конференция «Коллекции культур клеток человека и животных: современные вызовы и сетевые решения»	Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург	URL: http://cellcolconf.incras.ru/
5	Всероссийская конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны — классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию»	Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург	URL: https://www.zin.ru/conferences/brc_zoo_collections_2022/
6	Всероссийская школа-конференция «Клеточные и геномные технологии для совершенствования сельскохозяйственных животных»	Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ФГБНУ «ФИЦ животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Санкт-Петербург	URL: https://vniigen.ru/конференция-вниигрж
7	Всероссийская конференция молодых ученых «Генофонд и репродуктивное здоровье человека»	Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта	URL: https://медгенетика.пф/
8	Всероссийская конференция «Биоресурсные коллекции биологических образцов пациентов с генетическими заболеваниями»	Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова	URL: https://med-gen.ru/conf/
9	Всероссийская научная конференция «Генетические ресурсы микроорганизмов как основа создания средств диагностики и профилактики болезней животных, обеспечение безопасности продовольствия и охрана объектов культурного наследия»	Всероссийский государственный Центр качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов – ФГБУ «ВГНКИ»	URL: https://www.vgnki.ru/vserossiyskaya-nauchnaya-konferenciya-innovacionnyeh-tehnologii-sozdanie-bioresursnyh-kollekcij-diagnostika-i-profilaktika-boleznej-zhivotnyh-obekty-kulturnogo-naslediya.html

Резолюция форума. Санкт-Петербург, 24 июня 2022 года.

Часть 2: «Перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биологических коллекций»

Участники Первого научного форума «Генетические ресурсы России», всесторонне обсудив вопросы, касающиеся перспективы развития, научно-исследовательского и научно-практического потенциала биологических коллекций, постановили:

1. Признать состоявшийся Первый научный форум «Генетические ресурсы России» и ассоциированные мероприятия успешными. Рекомендовать проведение форума «Генетические ресурсы России» на регулярной основе не реже, чем раз в два года с целью координации рассмотрения актуальных вопросов в области биологических коллекций и биоресурсных центров и повышения эффективности сотрудничества в этой сфере, в том числе междисциплинарного. Следующий форум организовать в 2023 году в Санкт-Петербурге.

2. Признать безусловную значимость развития биологических коллекций и усиления раскрытия их потенциала при помощи современных методов исследований и активного внедрения новых форм работы с коллекциями; отметить при этом, что любые нововведения в отношении биологических коллекций должны развиваться на основе и с учетом сложившихся в России и в мире традиций работы в этой сфере, обуславливаемых, в частности, профессиональной этикой, саморегулированием и экспертно-ориентированными подходами, включая вопросы доступа, нематериального учета, обмена и других действий с коллекциями.

3. Отметить необходимость работы в едином терминологическом поле в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров. Рекомендовать создание консультативной/рабочей группы, включающей делегированных представителей организаций-держателей биологических коллекций разного типа для составления и развития единого терминологического справочника в этой сфере.

4. Обратить особое внимание на наличие тактической и стратегической составляющих в значении биологических коллекций для практики, в связи с этим отметить, что:

4.1. для решения тактических задач, актуальных в коротком временном отрезке, всегда используется лишь небольшая доля генетических ресурсов, сохраняемых в коллекциях;

4.2. потенциал стратегического ресурса коллекций раскрывается по мере возникновения новых практических и научно-технологических вызовов и задач, а возможность вовремя найти требуемый для решения каждой

новой задачи ресурс пропорциональна масштабам генетического разнообразия, характеризующего коллекцию;

4.3. стратегически важно развитие и гарантированное сохранение всего разнообразия биологических коллекций, которое подразумевает отдельное трудоемкое и наукоемкое направление работ, требующее, во-первых, специального обеспечения (в том числе, коренной модернизации инфраструктуры для работы по мировым стандартам, а также их совершенствования, обеспечения специальным оборудованием и расходными материалами), и, во-вторых, поддержки и развития научных школ, обеспечивающих сохранение и развитие коллекций;

4.4. стратегические долгосрочные работы с коллекциями должны быть внесены в число приоритетов государственной политики в интересах научно-технологического развития страны;

4.5. для реализации задач по обеспечению гарантированного сохранения, непрерывного целевого финансирования и регулируемой доступности стратегического генофонда различных типов коллекций признать целесообразным создание национальных биоресурсных центров по каждому типу коллекций (далее - НБРЦ);

4.6. в основу НБРЦ необходимо заложить сетевое взаимодействие организаций, имеющих коллекции, относящиеся к одному типу, развитие единой базы паспортных данных (ведение единого реестра образцов для всех коллекций одного и того же типа), создание общей стратегии сбора и сохранения, единых принципов доступа и использования образцов коллекций соответствующего типа;

4.7. для координации деятельности каждого НБРЦ, рассмотрения вопросов формирования национальных каталогов (в том числе утверждения критериев экспертной оценки биологических коллекций и отдельных образцов), а также координации вопросов деятельности коллекций соответствующего типа (в том числе, утверждения методик сбора, хранения, комплексной оценки и использования образцов, и правил доступа к ним), рекомендуется создание межведомственного коллегиального органа по каждому направлению.

5. Отметить решающую роль коллекций для проведения исследовательских разработок по таким приоритетным направлениям развития науки и технологий, как науки о жизни, медицина, биотехнологии, сельское хозяйство, фармакология, а также для обеспечения междисциплинарных исследований, образовательных процессов, для стандартизации и создания методических подходов к контролю качества и соответствия продукции биологического происхождения, в связи с этим обратить внимание на следующие аспекты:

5.1. биологические коллекции находятся в основе сложных научно-технологических и научно-производственных процессов, обеспечивающих в конечном счете здоровье населения, биобезопасность, продовольственную безопасность и технологическую независимость страны;

5.2. коллекции или образцы коллекций сами по себе не являются коммерческим продуктом; стадия коммерциализации результатов интеллектуальной деятельности, создаваемых благодаря генетическому разнообразию коллекций, отделена от деятельности по сохранению и развитию биологических коллекций многостадийными научно-производственными процессами; этим объясняется отсутствие в мировой практике прямого инвестирования индустриальных партнеров в поддержание и развитие самих коллекций, что необходимо учитывать при формировании целевых программ по поддержке биологических коллекций и установления индикаторов этих программ.

6. Подчеркнуть, что наряду с сохранением и изучением генетического разнообразия коллекций, непосредственно лежащих в основе научно-технологических цепочек для создания экономически значимых продуктов и технологий в сфере медицины, сельского хозяйства и других отраслей, не менее актуальным является развитие исследований генетических ресурсов с целью сохранения природного биологического разнообразия, в том числе:

6.1. сравнительное изучение коллекций природной флоры, фауны и микробиоты, в том числе на геномном уровне, включая изучение вымерших организмов для оценки влияния антропогенной деятельности, глобальных изменений и других факторов на биоразнообразие и для создания прогнозных сценариев с целью выработки стратегии сохранения биологического разнообразия в меняющихся климатических, экологических, экономических условиях;

6.2. развитие методов сохранения представителей природной флоры, фауны и микробиоты, в первую очередь эндемичных, редких, охраняемых, а также ресурсных и представляющих особый научный интерес, с применением подходов *in situ* и *ex situ*, в том числе с внедрением методов сохранения *ex situ* за счет создания банков семян природной флоры, банков биологических материалов диких животных, банков выявляемых в природе микроорганизмов, сохраняемых в контролируемых условиях при низких температурах (в том числе с применением технологий *in vitro* и *cryo*).

7. Признать актуальным и эффективным усиление направлений деятельности с биологическими коллекциями, повышающих их востребованность для исследований, направленных на развитие прорывных технологий и создание новой высокотехнологичной продукции. Рекомендовать проведение на регулярной основе конкурсов грантов в форме субсидий из федерального бюджета научным организациям и образовательным организациям высшего образования на реализацию отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019 – 2027 годы (II очередь. Биоресурсные коллекции) для стимулирования внедрения новых форм работы с коллекциями, повышающих их востребованность для исследований, направ-

ленных на развитие и широкое внедрение генетических технологий.

8. Выделить следующие перспективные направления исследований биологических коллекций:

8.1. развитие геномных и других омиксных исследований коллекций биологических материалов человека с целью выявления фундаментальных закономерностей наследования заболевания и применения этих знаний для персонализированных, предиктивных и превентивных подходов к профилактике, диагностике и лечению человека, в том числе, наследственных заболеваний;

8.2. развитие современных генетических технологий, в том числе, высокопроизводительного параллельного секвенирования, микрочиповых технологий, геномной терапии, геномного редактирования, а также технологий искусственного интеллекта для изучения фундаментальных основ нарушений репродуктивной функции человека, моделирования рисков развития заболеваний человека и разработки мер по повышению репродуктивного потенциала;

8.3. развитие фундаментальных исследований генетических ресурсов человека с целью создания клеточных технологий для регенеративной медицины и фарминдустрии;

8.4. расширение генетического и видового разнообразия коллекций лабораторных животных, направленное на обеспечение модельными организмами всех направлений фундаментальной медицины; формирование коллекций генетических моделей патологий, воспроизводящих аллельные варианты генов, ассоциированные с болезнями россиян различной национальности и живущих в различных климато-географических регионах; создание технологических условий для обеспечения национального суверенитета в области обеспечения доклинических испытаний лабораторными животными, соответствующими мировым стандартам качества;

8.5. проведение геномных и молекулярно-генетических исследований генетических ресурсов сельскохозяйственных животных, птицы, аквакультуры и насекомых (изучение геномной архитектуры пород, поиск геномных ассоциаций с хозяйственно-полезными признаками, автоматизация и поиск новых инструментальных физико-химических методов фенотипирования, изучение транскриптома, протеома и метаболома, эпигенетические исследования и т.д.); поиск перспективных биомаркеров продуктивных признаков, поиск перспективных генов-мишеней для редактирования геномов; создание новых селекционных форм на основе генофондных пород с повышенной продуктивностью, питательной ценностью, для целей «органического производства», специализированных пород (как, например, кур-производителей вакцинного сырья для производства вирусных эмбриональных вакцин для животных и человека) и др.;

8.6. фундаментальные исследования генетических ресурсов микроорганизмов для поиска и создания новых инструментов для сайт-направленного мутагенеза (вклю-

чая различные варианты геномного редактирования);

8.7. фундаментальные исследования генетических ресурсов микроорганизмов для научно-технологического обеспечения процессов в промышленном производстве (в пищевой и перерабатывающей промышленности, в фармацевтической промышленности и других областях промышленной биотехнологии);

8.8. сопряженные исследования генетических ресурсов сельскохозяйственных растений и микроорганизмов для создания надорганизменных систем, обеспечивающих улучшение показателей создаваемых сортов и гибридов растений за счет симбиотического взаимодействия при обработке их микробными препаратами;

8.9. развитие фундаментальных геномных и постгеномных исследований коллекций сельскохозяйственных растений и их диких родичей (в том числе реализация проектов по секвенированию пангеномов основных и перспективных культур, создание отечественных ДНК-чипов для их паспортизации и для геномной селекции, развитие работ по поиску новых генов-мишеней для маркер-ориентированной селекции и геномного редактирования) с целью получения высокоурожайных сортов и гибридов растений с устойчивостью к неблагоприятным биотическим и абиотическим факторам окружающей среды и с заданными качественными характеристиками;

8.10. развитие междисциплинарных исследований в части создания технологий высокопроизводительного фенотипирования растений (феномики), высокопроизводительного хемотипирования и нутрициологического фенотипирования в качестве основы для ускорения генетико-селекционных исследований как в отношении базовых продовольственных культур и сортов для массового производства в традиционных ареалах интенсивного земледелия, так и для создания сортимента для современных направлений экологического и органического земледелия, для функционального, диетического и спортивного питания, импортозамещения технического растительного сырья, для интродукции новых культур и расширения ареалов возделывания культурных растений, в том числе в интересах развития Арктики и Дальнего Востока;

8.11. расширение генетического разнообразия исходного материала для селекции растений путем применения геномного редактирования и иных методов направленного мутагенеза культурных растений и их диких родичей; развитие и совершенствование технологий для решения данной задачи;

8.12. развитие гербарной и «музейной» геномики для познания биологического разнообразия растительного и животного мира, реконструкции эволюционной истории, для оценки влияния изменений климата и ландшафтов на процессы вымирания и адаптации видов к новым условиям, оценки результатов опосредованного человеком отбора вследствие применения гербицидов и пестицидов и выявления адаптаций к ним на геномном уровне, для прогнозирования влияния климатических изменений

и деятельности человека на биоразнообразие, для выработки стратегии рационального использования биологических ресурсов.

8.13. Создание специальных государственных программ по созданию цифровых изображений образцов гербарных фондов биологического разнообразия растений и зоологических коллекций животных.

9. Отметить важность технического и информационно-обеспечения процессов исследования образцов биологических коллекций, в том числе путем решения вопросов импортозамещения в части научного оборудования, расходных материалов и программного обеспечения для высокотехнологичных исследований биологических образцов (особое внимание уделить импортозамещению по созданию линейки ДНК-маркеров и чипов для паспортизации образцов различных биологических видов), а также в части создания отечественной базы генетической информации.

10. Отметить значимость мобилизации генетических ресурсов с целью пополнения и развития биологических коллекций и необходимость создания условий для развития биоисследовательской деятельности, включая поддержку экспедиционных программ, упрощенный вариант ввоза материала для научных исследований и коллекций из-за рубежа (при соблюдении национального и международного законодательства), поддержку международного сотрудничества для паритетного обмена образцами коллекций, механизмы обязательного предоставления в коллекции эталонов линий, штаммов, сортов, пород, используемых в производстве.

11. Отметить необходимость постоянного совершенствования и развития стратегий *ex situ* сохранения образцов генетических ресурсов, включая развитие методов сохранения в контролируемых условиях (в том числе с применением технологий *in vitro* и *cryo*), подходы к созданию резервных копий образцов и к восстановлению утраченного генетического разнообразия (утраченных ранее пород, сортов, штаммов, генетических линий, клеточных линий и др.), а также необходимость повышения надежности сохранения информации об образцах коллекций и потребность в техническом обеспечении перечисленных выше процессов сохранения биологических коллекций, в том числе путем решения вопросов импортозамещения необходимого высокотехнологичного научного оборудования, расходных материалов и программного обеспечения. Особое внимание уделить развитию единых стандартов документирования образцов, сохраняемых в коллекциях, соблюдению правил наименования, корректного применения названий таксонов, в связи с этим особое внимание уделить сохранению типовых экземпляров коллекций. Оценить и учесть потребность разработки специальных федеральных программ по сохранению биоразнообразия по отдельным направлениям генетических

ресурсов (таких как, например, программа по сохранению породного разнообразия птицы и другие специальные программы).

12. Отметить важность развития подготовки высококвалифицированных кадров в области деятельности с биологическими коллекциями, профориентационной деятельности в данной сфере, а также значимость популяризации значения биологических коллекций и развития инструментов гражданской науки (научного волонтерства) в помощь осуществлению масштабных исследовательских проектов по генетическим ресурсам, в связи с чем обеспечить поддержку:

12.1. развития основных образовательных программ в части вопросов сохранения и изучения биологического разнообразия;

12.2. разработки специализированных образовательных программ для подготовки специалистов в области сохранения и изучения биологических коллекций;

12.3. разработки программ дополнительного профессионального образования в области сохранения и изучения биологических коллекций;

12.4. развития научных школ в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров;

12.5. разработки мер по стимулированию молодых специалистов для работы с биологическими коллекциями, включая грантовую поддержку научных проектов и стажировок на базе ведущих биологических коллекций;

12.6. проектов в сфере научного волонтерства, направленных на сохранение и изучение генетических ресурсов;

12.7. мероприятий просветительского характера для граждан Российской Федерации, в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров путем создания научно-просветительских фильмов, литературы, поддержки развития онлайн-ресурсов по данной теме, поддержки научных музеев, пропагандирующих изучение разнообразия жизни на Земле;

12.8. комплекса мер, направленных на популяризацию отечественных научных достижений в области биологических коллекций и биоресурсных центров;

12.9. мероприятий и проектов для профориентации школьников с целью привлечения их к дальнейшему обучению и трудоустройству в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров.

Форум постановил, направить данную резолюцию в:

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации;

Совет по реализации Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2027 годы;

Президиум Российской академии наук.

Санкт-Петербург, 24 июня 2022 года

References/Литература

Collection of Legislative Acts of the Russian Federation (Sobraniye zakonodatelstva Rossiiskoi Federatsii), 2019;17:Art.2108. [In Russian] (Собрание законодательства Российской Федерации. 2019;17:Ст.2108).

Genetic Resources of Russia. Scientific Forum. Video conference 21 June 2022. 2022a. [In Russian] («Генетические ресурсы России»). Научный форум. Видео трансляция заседаний 21 июня 2022 года. 2022a. URL: https://vk.com/video-176529307_456239067?list=ln-LMzjoYdFbUzupXspQM [дата обращения: 25.06.2022]

Genetic Resources of Russia. Scientific Forum. Video conference 24 June 2022. 2022b. [In Russian] («Генетические ресурсы России»). Научный форум. Видео трансляция заседаний 24 июня 2022 года. 2022b. URL: https://vk.com/video-176529307_456239073?list=ln-MMIWn4P5TtWIsHEQmx [дата обращения: 25.06.2022]

Khlestkina E.K. Genetic resources in Russia: from collections to bioresource centers. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2022;183(1):9-30. [In Russian] (Хлесткина Е.К. Генетические ресурсы России: от коллекций к биоресурсным центрам. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2022;183(1):9-30). DOI: 10.30901/2227-8834-2022-1-9-30

Khlestkina E.K., Zakharova M.V., Nizhnikov A.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Zavarzin A.A., Mokhov A.A., Tikhonovich I.A. The first scientific forum «Genetic resources of Russia» - on legal regulation in the field of bioresources and biological collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. [preprint] 2022;5(2). [In Russian] (Хлесткина Е.К., Захарова М.В., Нижников А.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Заварзин А.А., Мохов А.А., Тихонович И.А. Первый научный форум «Генетические ресурсы России» - о правовом регулировании в сфере биоресурсов и биологических коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. [в печати] 2022;5(2)). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02

News of the first scientific Forum «Genetic Resources of Russia». 2022. [In Russian] (Новости Первого научного форума «Генетические ресурсы России»). 2022. URL: <https://brc2022.vogis.org/category/news/> [дата обращения: 25.06.2022]

Информация об авторах

Игорь Анатольевич Тихонович, доктор биологических наук, академик РАН, профессор, декан биологического факультета, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9; научный руководитель, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3; президент ВОГиС, Вавиловское общество генетиков и селекционеров, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Дмитрий Викторович Гельтман, доктор биологических наук, директор, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Ботанический институт им. В.Л. Комарова Российской академии наук (БИН им. В.Л. Комарова РАН), 197376 Россия, Санкт-Петербург,

ул. Профессора Попова, д. 2, geltman@binran.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9249-7389>

Никита Севирович Чернецов, доктор биологических наук, член-корреспондент РАН, директор, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Зоологический институт Российской академии наук, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 1, director@zin.ru, nikita.chernetsov@zin.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7299-6829>

Наталья Аркадьевна Михайлова, доктор биологических наук, доцент, заместитель директора по научной работе, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии Российской академии наук, 194064 Россия, Санкт-Петербург, Тихорецкий проспект, д. 4, natmik@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1650-9330>

Андрей Сергеевич Глотов, доктор биологических наук, руководитель отдела геномной медицины, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта» (ФГБНУ «НИИ АГиР им. Д.О. Отта»), 199034 Россия, Санкт-Петербург, Менделеевская линия, д. 3, anglotov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7465-4504>

Вадим Камильевич Хлесткин, кандидат химических наук, директор, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия; старший научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», 630090 Россия, Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева, д. 10, dir2645@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9605-8028>

Юлия Васильевна Ухатова, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

Алексей Алексеевич Заварзин, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Антон Александрович Нижников, доктор биологических наук, заведующий лабораторией №7 Протеомики надорганизменных систем, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3; профессор, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, a.nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Елена Константиновна Хлесткина, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Information about the authors

Igor A. Tikhonovich, Dr. Sci. (Biology), Academician of the Russian Academy of Sciences, Professor, Dean of the Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia; Scientific Director, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg 196608, Russia; President of VOGiS, Vavilov Society of Geneticists and Breeders, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg 196608, Russia, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Dmitry V. Geltman, Dr. Sci. (Biology), Director, Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, 2, Professor Popov Street, St. Petersburg, 197376, Russia, geltman@binran.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9249-7389>

Nikita S. Chernetsov, Dr. Sci. (Biology), Corresponding member of Russian Academy of Sciences, Director, Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, 1, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia, nikita.chernetsov@zin.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7299-6829>

Natalia A. Mikhailova, Dr. Sci. (Biology), Associate Professor, Deputy Director for Scientific Work, Institute of Cytology of the Russian Academy of Sciences, 4, Tikhoretsky Avenue, St. Petersburg 194064, Russia, natmik@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1650-9330>

Andrey S. Glotov, Dr. Sci. (Biology), Head of the Medico-Genetic Centre, Federal State Budgetary Scientific Institution “The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D.O. Ott”, 3, Mendeleyevskaya Line, St. Petersburg 199034, Russia, anglotov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7465-4504>

Vadim K. Khlestkin, Cand. Sci. (Chemistry), Director, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals - branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZH named after academician L.K. Ernst”, 55a, Moscow Highway, Pushkin, 196625 St. Petersburg, Russia; Senior Research Associate, Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Lavrentjev Avenue, Novosibirsk, 630090 Russia, dir2645@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9605-8028>

Yulia V. Ukhatova, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, 190000 St. Petersburg, Russia, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

Aleksey A. Zavarzin, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, 190000 St. Petersburg, Russia, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Anton A. Nizhnikov, Dr. Sci. (Biology), Head of Laboratory for Proteomics of Supra-Organismal Systems, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg 196608, Russia; Professor, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg 199034, Russia, nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Elena K. Khlestkina, Dr. Sci. (Biology), Professor of the RAS, Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 26.06.2022; одобрена после рецензирования 28.06.2022; принята к публикации 29.06.2022

The article was submitted 26.06.2022; approved after reviewing 28.06.2022; accepted for publication on 29.06.2022.

Краткое сообщение

УДК 575.084

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02



Первый научный форум «Генетические ресурсы России» - о правовом регулировании в сфере биоресурсов и биологических коллекций

Е.К. Хлесткина¹, М.В. Захарова², А.А. Нижников^{3,4}, Д.В. Гельтман⁵, Н.С. Чернецов⁶, Н.А. Михайлова⁷, А.С. Глотов⁸, В.К. Хлесткин^{9,10}, А.А. Заварзин¹, А.А. Мохов², И.А. Тихонович^{3,4,11}

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

²Московский государственный юридический университет имени О.Е. Кутафина, Москва, Россия

³Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

⁴Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

⁵Ботанический институт имени В.Л. Комарова Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁶Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁷Институт цитологии Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

⁸Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта, Санкт-Петербург, Россия

⁹Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

¹⁰Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

¹¹Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Константиновна Хлесткина, director@vir.nw.ru

Первый научный форум «Генетические ресурсы России» состоялся в Санкт-Петербурге 21-24 июня 2022 года. Форум собрал более 500 специалистов из более 100 научно-исследовательских учреждений и вузов Российской Федерации. В связи с актуальностью развития в Российской Федерации законодательной базы в сфере регулирования работы с биологическими коллекциями и деятельности биоресурсных центров, в рамках Первого научного форума «Генетические ресурсы России» был организован Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями». В настоящей публикации представлены итоги работы Форума и его резолюция в части правового регулирования в сфере биологических коллекций.

Ключевые слова: биологические коллекции, биоресурсные центры, биотехнологии, генетические ресурсы, правовое регулирование

Для цитирования: Хлесткина Е.К., Захарова М.В., Нижников А.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Заварзин А.А., Мохов А.А., Тихонович И.А. Первый научный форум «Генетические ресурсы России» - о правовом регулировании в сфере биоресурсов и биологических коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):48-54. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Хлесткина Е.К., Захарова М.В., Нижников А.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Заварзин А.А., Мохов А.А., Тихонович И.А., 2022

Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02

The first scientific forum «Genetic resources of Russia» - on legal regulation in the field of bioresources and biological collections

Elena K. Khlestkina¹, Maria V. Zakharova², Anton A. Nizhnikov^{3,4}, Dmitry V. Geltman⁵, Nikita S. Chernetsov⁶, Natalia A. Mikhailova⁷, Andrey S. Glotov⁸, Vadim K. Khlestkin^{9,10}, Alexey A. Zavarzin¹, Alexander A. Mokhov², Igor A. Tikhonovich^{3,4,11}

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

²Kutafin Moscow State Law University, Moscow, Russia

³All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Pushkin, St. Petersburg, Russia

⁴St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

⁵Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁶Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁷Institute of Cytology of the Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

⁸The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Reproductology named after D.O. Ott, St. Petersburg, Russia

⁹All-Russian research institute of genetics and breeding of farm animals branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution «Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZH named after academician L.K. Ernst», Pushkin, St. Petersburg, Russia

¹⁰Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

¹¹Vavilov Society of Geneticists and Breeders, St. Petersburg, Russia

Corresponding author: Elena K. Khlestkina, director@vir.nw.ru

The first scientific forum «Genetic Resources of Russia» took place in Saint Petersburg on 21-24 June 2022. The Forum brought together more than 500 specialists from more than 100 research institutions and universities of the Russian Federation. A round table «Regulations and standards of work with bio-resource collections» was organized within the framework of the Forum in connection with the relevance to create the legislation base for the work with biological collections and regulation of the activities of bioresource centres in the Russian Federation. This publication presents the outcomes of the Forum and its resolution relating to the legal regulation of biological collections.

Keywords: biocollections, bioresource centres, biotechnologies, genetic resources, legal regulation

For citation: Khlestkina E.K., Zakharova M.V., Nizhnikov A.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Zavarzin A.A., Mokhov A.A., Tikhonovich I.A. The first scientific forum «Genetic resources of Russia» - on legal regulation in the field of bioresources and biological collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):48-54. (In Russ.).

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the author, and his or her employer.

© Khlestkina E.K., Zakharova M.V., Nizhnikov A.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Zavarzin A.A., Mokhov A.A., Tikhonovich I.A., 2022

Введение

Первый научный форум «Генетические ресурсы России» состоялся в Санкт-Петербурге 21-24 июня 2022 года (далее – Форум). В рамках Форума 21 и 24 июня прошли пленарные заседания, а 22 и 23 июня были организованы 9 параллельных конференций, посвященных различным типам биоресурсных коллекций, их исследованию, поддержанию и пополнению. Также 17 июня состоялось сателлитное мероприятие Форума – Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями». На мероприятия Форума зарегистрировались более 500 специалистов (из них 284 очно, остальные дистанционно, трансляция пленарных заседаний форума охватила также широкий спектр слушателей Форума – более 1500 просмотров 21 июня (Genetic Resources of Russia, 2022a) и более 500 просмотров 24 июня (Genetic Resources of Russia, 2022b) – из более 100 научно-исследовательских учреждений и вузов Российской Федерации. География участников – около 50 регионов нашей страны, на отдельных конференциях были участники из Армении, Беларуси, Казахстана и Киргизии.

В 21 веке без использования коллекций генетических ресурсов невозможно развитие таких направлений, как трансляционная медицина, персонализированные подходы к сохранению здоровья человека, генетические технологии, биоэнергетика, экологичное земледелие. В России зарегистрированы более 250 коллекций генетических ресурсов, структурированных в 10 типов коллекций (Kolchanov, 2019). Для обеспечения сохранения и развития коллекций в соответствии с мировыми стандартами, а также эффективного и рационального их использования в интересах реализации Стратегии научно-технологического (СНТР) и экономического развития России сегодня наблюдается тенденция к интеграции коллекций одинакового типа по сетевому принципу организации под эгидой создаваемых крупных биоресурсных центров (Khlestkina, 2022) с единым национальным каталогом (по каждому отдельному типу коллекций) и единым/распределенным (полностью/частично – в зависимости от типа коллекций) хранением образцов.

В связи с актуальностью развития в Российской Федерации законодательной базы в сфере регулирования деятельности биологических коллекций и биоресурсных центров, в частности, национальных биоресурсных центров, в рамках Первого научного форума «Генетические ресурсы России» был организован Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями».

Целью настоящей публикации является представление итогов работы Форума и его резолюции, относящиеся к правовому регулированию в сфере биологических коллекций. Итоги Форума и резолюция по части научно-технических, научно-исследовательских и прикладных аспектов в сфере биологических коллекций представлены

в публикации (Tikhonovich et al., 2022).

Действующее в настоящее время российское законодательство закрепляет понятия отдельных видов биологических коллекций. Федеральный закон от 24 апреля 1995 г. № 52-ФЗ «О животном мире» определяет в ст. 29 зоологические коллекции путем перечисления их отдельных форм и обладателей (фондовые научные коллекции зоологических институтов, университетов, музеев, а также собрания чучел, препаратов и частей объектов животного мира, живые коллекции зоопарков, зоосадов, цирков, питомников, аквариумов, океанариумов и других учреждений) (Collection of Legislative Acts RF, 1995). В Федеральном законе от 30 декабря 2020 г. № 492-ФЗ «О биологической безопасности в Российской Федерации» представлено узкое понятие биологической коллекции. В нем коллекция патогенных микроорганизмов и вирусов определяется как фонд штаммов патогенных микроорганизмов и вирусов, который формируется по признакам происхождения, видового родства, способу воздействия на организм человека, животного или на растения и поддерживается в жизнеспособном состоянии с сохранением исходных характеристик штаммов патогенных микроорганизмов и вирусов (статья 1). В соответствии с пунктом 8 статьи 10 указанного Закона (вступает в силу с 1 июля 2022 г.) предполагается также осуществлять формирование, сохранение и развитие государственной коллекции представителей нормальной микрофлоры человека, сельскохозяйственных животных и растений, а также криогенных банков образцов природных нормальных микробиоценозов (биоматериалов) (Collection of Legislative Acts RF, 2021).

Отдельные типы существующих в России биологических коллекций рассматриваются в качестве уникальных научных установок, определяемых ст. 2 Федерального закона от 23 августа 1996 г. № 127-ФЗ «О науке и государственной научно-технической политике» (Collection of Legislative Acts RF, 1996) как комплекс научного оборудования, не имеющий аналогов в Российской Федерации, функционирующий как единое целое и созданный научной организацией и (или) образовательной организацией в целях получения научных результатов, достижение которых невозможно при использовании другого оборудования (Science and technology infrastructure RF, 2022).

Согласно Постановлению Правительства РФ от 22 апреля 2019 г. № 479 «Об утверждении Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019—2027 годы» в России должны функционировать биоресурсные центры, обеспечивающие формирование, хранение и предоставление образцов коллекций в соответствии с мировыми стандартами (Collection of Legislative Acts RF, 2019).

8 февраля 2022 года изданы Указы Президента Российской Федерации N44 «О Национальном центре генетических ресурсов растений» и N45 «О Межведомственной комиссии по вопросам формирования, сохранения и использования коллекций генетических ресурсов расте-

ний» (Khlestkina, 2022).

Эти правовые акты, а также международные акты в этой сфере и устоявшиеся в России и в мире правила профессиональной этики, саморегулирование и иные проверенные временем традиции в сфере деятельности с биологическими коллекциями, стали отправной точкой обсуждения на Форуме вопросов правового и нормативного регулирования в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров.

Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями»

Круглый стол «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями» прошел на площадке ВИР имени Н.И. Вавилова (Санкт-Петербург) 17 июня 2022 года, в рамках Первого научного форума «Генетические ресурсы России». Мероприятие состоялось под эгидой Вавиловского общества генетиков и селекционеров и Минобрнауки России при участии ВИР имени Н.И. Вавилова, МГЮА имени О.Е. Кутафина, НИЦ «Курчатовский институт», Ботанического института имени В.Л. Комарова РАН, Института цитологии РАН, Зоологического института РАН, ФГБНУ «НИИ АГиР им. Д.О. Отта», ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиала ВИЖ имени Л.К. Эрнста, ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, МГНЦ имени Н.П. Бочкова.

Междисциплинарный круглый стол объединил ученых-биологов – делегированных представителей учреждений-держателей крупнейших биологических коллекций России и специалистов в области права (всего 22 участника). На открытии Круглого стола выступил академик РАН, Президент Вавиловского общества генетиков и селекционеров Игорь Анатольевич Тихонович. Установочный доклад представили доктор публичного права Мария Владимировна Захарова (МГЮА имени О.Е. Кутафина), доктор юридических наук Александр Анатольевич Мохов и доктор биологических наук Елена Константиновна Хлесткина. Участниками круглого стола были выделены особенности функционирования биологических коллекций и организации работы с ними, в том числе, в связи с практическим использованием. В обсуждении были выделены аспекты, по которым разные типы коллекций отличаются друг от друга, подчеркнуто, что существуют проверенные временем правила профессиональной этики, сложившаяся практика саморегулирования и иные традиции по каждому типу коллекций – всё это должно быть учтено при разработке нормативного правового регулирования биологических коллекций. Проведено обсуждение структуры проекта Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях» и тех аспектов, которые могут быть внесены в этот правовой акт, регулирующий все типы научных биологических коллекций. Предложения, касающиеся

проекта Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях», Круглый стол адресовал Форуму. Рассмотрев и обсудив предложения Круглого стола 24 июня 2022 года, Форум одобрил их и включил в Резолюцию Форума.

Резолюция форума. Часть 1: «О правовом регулировании в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров»

Участники первого научного форума «Генетические ресурсы России», заслушав сведения о проведении сателлитного мероприятия Форума – Круглого стола «Нормативно-правовое регулирование и стандарты работы с биоресурсными коллекциями» и обсудив предложения Круглого стола, касающиеся проекта Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях», постановили, что данный правовой акт:

1) должен быть направлен на решение стратегических задач, связанных с ролью биологических коллекций для сохранения генетического разнообразия, для научно-технического развития общества и для обеспечения образовательных процессов;

2) должен определять принципы государственной политики в сфере биоресурсных центров и биологических коллекций, направленные на гарантированное сохранение, развитие и эффективное использование биологических коллекций государственных учреждений, и зафиксировать ответственность государства за обеспечение гарантированного сохранения коллекций государственных учреждений;

3) должен стать основой для последующей разработки подзаконных актов, которые должны учесть разнообразие аспектов деятельности биологических коллекций разного типа и их отличительные особенности;

4) потребует последующего внесения изменений в существующие правовые акты в области гражданского законодательства в части регулирования общественных отношений в области авторского и патентного права на результаты исследований, связанных с применением образцов биоресурсных коллекций, а также в части регулирования в сферах реального сектора экономики, в развитие которых вносят вклад биологические коллекции;

5) должен определить следующие основные понятия, единые для всех типов коллекций: биоресурсный центр, национальный биоресурсный центр, биологическая коллекция, биологический образец, биологический объект, паспорт биологического образца, государственный реестр биологических коллекций, единица хранения, национальный каталог особо ценных образцов генетических ресурсов и др.;

6) должен охватывать 10 типов биологических коллекций: 1) коллекции микроорганизмов, включая непатогенные, биотехнологические; 2) коллекции культур клеток человека и животных; 3) коллекции сельскохозяйственных растений; 4) гербарные фонды биологического

разнообразия растений; 5) зоологические коллекции животных; 6) коллекции диких и лабораторных животных, находящихся в живом разведении; 7) коллекции сельскохозяйственных животных и птицы; 8) коллекции биологических материалов человека; 9) живые коллекции природной флоры ботанических садов; 10) коллекции морских и пресноводных организмов в живом разведении, - и предусмотреть создание национальных биоресурсных центров по каждому типу коллекций;

7) должен определить, что основной целью национального биоресурсного центра (НБРЦ) является создание, сохранение и развитие национального каталога особо ценных образцов генетических ресурсов и закрепить за НБРЦ функции, включающие гарантированное долгосрочное сохранение, поддержание и воспроизводство образцов национального каталога, ведение баз данных (в формате информационной системы НБРЦ) об этих образцах, обеспечение доступа к ним в надлежащем порядке, методическое обеспечение и стандартизацию всех видов работ, связанных со сбором образцов, их хранением, комплексной оценкой и использованием;

8) должен предусмотреть форму организации национального биоресурсного центра как объединения юридических лиц в форме консорциума (без образования юридического лица), которое включает головную организацию (определяемую из числа наиболее авторитетных организаций-держателей биоресурсных коллекций соответствующего типа), а также организации-участники, для которых выход из консорциума допускается только в случае невозможности поддержания вверенной части национального каталога (в этом случае выходящая из консорциума организация полностью передает в головную организацию в надлежащем виде образцы вверенной ей части национального каталога);

9) должен предусмотреть создание Межведомственных комиссий по формированию, сохранению и использованию разных типов коллекций – как элементов координации деятельности Национальных биоресурсных центров и формирования предложений по вопросам, требующим дальнейшего развития нормативного правового регулирования после принятия Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях»;

10) должен предусмотреть обязанность государственных исследовательских учреждений направлять эталоны создаваемых ими новых генетических линий/штаммов, сортов и пород для депонирования в национальные биоресурсные центры;

11) не должен противоречить имеющимся устоявшимся правилам профессиональной этики, сложившейся практике частичного саморегулирования и иным традициям, которые прошли проверку временем за многие годы существования биологических коллекций в России и в мире, в том числе традициям ведения нематериально-учета, экспертной оценки и др.

Форум постановил направить данные предложения и

выработанную во время работы Круглого стола структуру проекта Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях» в:

- 1) Министерство науки и высшего образования Российской Федерации;
- 2) Совет по реализации Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019 - 2027 годы;
- 3) Комитет Совета Федерации по науке, образованию и культуре;
- 4) Комитет Государственной Думы по науке и высшему образованию.

Форум подчеркнул необходимость обязательного привлечения представителей учреждений-держателей крупнейших биологических коллекций России к экспертной оценке и участию в обсуждении на всех этапах разработки проекта Федерального закона «О биоресурсных центрах и биологических коллекциях» и подзаконных актов к нему.

Санкт-Петербург, 24 июня 2022 года

References/Литература

- Collection of Legislative Acts of the Russian Federation (Sobranie zakonodatelstva Rossiiskoi Federatsii), 1995;17:Art.1462. [In Russian] (Собрание законодательства Российской Федерации. 1995;17:Ст.1462).
- Collection of Legislative Acts of the Russian Federation (Sobranie zakonodatelstva Rossiiskoi Federatsii), 1996;35:Art.4137. [In Russian] (Собрание законодательства Российской Федерации. 1996;35:Ст.4137).
- Collection of Legislative Acts of the Russian Federation (Sobranie zakonodatelstva Rossiiskoi Federatsii), 2019;17:Art.2108. [In Russian] (Собрание законодательства Российской Федерации. 2019;17:Ст.2108).
- Collection of Legislative Acts of the Russian Federation (Sobranie zakonodatelstva Rossiiskoi Federatsii), 2021;1:Art.31. [In Russian] (Собрание законодательства Российской Федерации. 2021;1:Ст. 31).
- Genetic Resources of Russia. Scientific Forum. Video conference 21 June 2022. [In Russian] («Генетические ресурсы России». Научный форум. Видео трансляция заседаний 21 июня 2022 года); 2022a. URL: https://vk.com/video-176529307_456239067?list=ln-LMzjoYdFbUzupXspQM [дата обращения: 25.06.2022]
- Genetic Resources of Russia. Scientific Forum. Video conference 24 June 2022. [In Russian] («Генетические ресурсы России». Научный форум. Видео трансляция заседаний 24 июня 2022 года); 2022b. URL: https://vk.com/video-176529307_456239073?list=ln-MMiWn4P5TtWIsHEQmx [дата обращения: 25.06.2022]
- Khlestkina E.K. Genetic resources in Russia: from collections to bioresource centers. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2022;183(1):9-30. [In Russian] (Хлесткина Е.К. Генетические ресурсы России: от коллекций к биоресурсным центрам. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2022;183(1):9-30). DOI: 10.30901/2227-8834-2022-1-9-30

Kolchanov N.A. Bioresource collections of institutes of the Ministry of Science and Higher Education: inventory and development experience (Bioresursnye kollektzii institutov Ministerstva nauki i vysshego obrazovaniya: opyt inventarizatsii i razvitiya). In: VII International Congress and Associate Symposia of Vavilov Society of Geneticists and Breeders on the 100th Anniversary of the Department of Genetics of Saint Petersburg State University: Book of abstracts; June 18–22, 2019; St. Petersburg, Russia. St. Petersburg: WM Publishing Ltd.; 2019. p.399. [in Russian] (Колчанов Н.А. Биоресурсные коллекции институтов Министерства науки и высшего образования: опыт инвентаризации и развития. В кн.: VII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 100-летию кафедры генетики СПбГУ, и ассоциированные симпозиумы: сборник тезисов; Санкт-Петербург, 18–22 июня 2019 г. Санкт-Петербург: ВВМ; 2019. с.399). <https://events.spbu.ru/eventsContent/events/2018/vogis/VII%20VSGB%20Congress%20Abstracts%202019.pdf> [дата обращения: 24.06.2022].

Tikhonovich I.A., Geltman D.V. Chernetsov N.S., Mikhailova N.A.,

Glotov A.S., Khlestkin V.K., Ukhatova Y.V., Zavarzin A.A., Nizhnikov A.A., Khlestkina E.K. On the results of the First Scientific Forum «Genetic Resources of Russia»: prospects for development, research and practical potential of bio-collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. [preprint] 2022;5(2). [In Russian] (Тихонович И.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А., Нижников А.А., Хлесткина Е.К. Об итогах Первого научного форума «Генетические ресурсы России»: перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биоресурсных коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. [в печати] 2022;5(2). Science and technology infrastructure of the Russian Federation. Centres for collective use of scientific equipment and unique scientific installations [official portal] [In Russian] (Научно-технологическая инфраструктура Российской Федерации. Центры коллективного пользования научным оборудованием и уникальные научные установки: [официальный портал]; 2022). URL: <https://ckp-rf.ru/> [дата обращения: 25.06.2022]

Информация об авторах

Елена Константиновна Хлесткина, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Мария Владимировна Захарова, доктор юридических наук, директор, Научно-образовательный центр права и биоэтики в сфере геномных исследований и применения генетических технологий, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский государственный юридический университет имени О.Е. Кутафина (МГЮА)», 125993 Россия, Москва, ул. Садовая-Кудринская, д.7, стр.21, avis_777@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4527-9805>

Антон Александрович Нижников, доктор биологических наук, профессор РАН, заведующий лабораторией №7 Протеомики надорганизменных систем, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3; профессор, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, a.nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Дмитрий Викторович Гельтман, доктор биологических наук, директор, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Ботанический институт имени В.Л. Комарова Российской академии наук (БИН РАН), 197376 Россия, Санкт-Петербург, ул. Профессора Попова, д. 2, geltman@binran.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9249-7389>

Никита Севинович Чернецов, доктор биологических наук, член-корреспондент РАН, директор, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Зоологический институт Российской академии наук, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 1, nikita.chernetsov@zin.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7299-6829>

Наталья Аркадьевна Михайлова, доктор биологических наук, доцент, заместитель директора по научной работе, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии Российской академии наук, 194064 Россия, Санкт-Петербург, Тихорецкий проспект, д. 4, natmik@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1650-9330>

Андрей Сергеевич Глотов, доктор биологических наук, руководитель отдела геномной медицины, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта (ФГБНУ «НИИ АГиР им. Д.О. Отта»», 199034 Россия, Санкт-Петербург, Менделеевская линия, д. 3, anglotov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7465-4504>

Вадим Камилевич Хлесткин, кандидат химических наук, директор, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных - филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства - ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Пушкин, Санкт-Петербург, Россия; старший научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», 630090 Россия, Новосибирск, проспект Академика Лаврентьева, д. 10, dir2645@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9605-8028>

Алексей Алексеевич Заварзин, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Александр Анатольевич Мохов, доктор юридических наук, профессор, заведующий кафедрой медицинского права, Московский государственный юридический университет имени О.Е. Кутафина (МГЮА), 125993 Россия, Москва, ул. Садовая-Кудринская, д. 9, mokhov_alexander@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8139-7932>

Игорь Анатольевич Тихонович, доктор биологических наук, академик РАН, профессор, декан биологического факультета, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9; научный руководитель, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3; президент ВОГиС, Вавиловское общество генетиков и селекционеров, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, д. 3, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Information about the authors

Elena K. Khlestkina, Dr. Sci. (Biology), Professor of the RAS, Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Maria V. Zakharova, Dr. Sci. (Law), Director, Scientific and educational center of law and bioethics in the field of genomic research and application of genetic technologies, Kutafin Moscow State Law University (MSAL), 7-22, Sadovaya-Kudrunskaya Street, Moscow 125993, Russia, avis_777@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4527-9805>

Anton A. Nizhnikov, Dr. Sci. (Biology), Professor RAS, Head of Laboratory for Proteomics of Supra-Organismal Systems, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, Saint-Petersburg 196608, Russia; Professor, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, Saint-Petersburg 199034, Russia, nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Dmitry V. Geltman, Dr. Sci. (Biology), Director, Komarov Botanical Institute, 2, Professor Popov Street, Saint Petersburg, 197376, Russia, geltman@binran.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9249-7389>

Nikita S. Chernetsov, Dr. Sci. (Biology), Corresponding member of Russian Academy of Sciences, Director, Zoological Institute of the Russian Academy of Sciences, 1, Universitetskaya Embankment, Saint-Petersburg 199034, Russia, nikita.chernetsov@zin.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7299-6829>

Natalia A. Mikhailova, Dr. Sci. (Biology), Associate Professor, Deputy Director for Scientific Work, Institute of Cytology of the Russian Academy of Sciences, 4, Tikhoretsky Avenue, St.Petersburg 194064, Russia, natmik@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1650-9330>

Andrey S. Glotov, Dr. Sci. (Biology), Head of the Genomic Medicine Department, The Research Institute of Obstetrics, Gynecology and Sciences, Reproductology named after D.O. Ott, 3, Mendeleevskaya Line, St.Petersburg 199034, Russia, anglotov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7465-4504>

Vadim K. Khlestkin, Cand. Sci. (Chemistry), Director, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals - branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution «Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZH named after academician L.K. Ernst», 55a, Moscow Highway, Pushkin, 196625 St. Petersburg, Russia; Senior Research Associate, Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Lavrentjev Avenue, Novosibirsk, 630090 Russia, dir2645@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9605-8028>

Aleksey A. Zavarzin, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, 190000 St. Petersburg, Russia, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Aleksandr A. Mokhov, Dr. Sci. (Law), Professor, Head of Medical Law Department, Kutafin Moscow State Law University (MSAL), 9, Sadovaya-Kudrunskaya Street, Moscow 125993, Russia, mokhov_alexander@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8139-7932>

Igor A. Tikhonovich, Dr. Sci. (Biology), Academician of the Russian Academy of Sciences, Professor, Dean of the Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, Saint-Petersburg 199034, Russia; Scientific Director, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, Saint-Petersburg 196608, Russia; President of VOGiS, Vavilov Society of Geneticists and Breeders, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, Saint-Petersburg 196608, Russia, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.
Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.
Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 26.06.2022; одобрена после рецензирования 28.06.2022; принята к публикации 29.06.2022.
The article was submitted on 26.06.2022; approved after reviewing on 28.06.2022; accepted for publication on 29.06.2022.

Plant Biotechnology and Breeding is a scientific periodical publishing on its pages original research results, review articles, protocols and methods in the field of applied crop biotechnology; works on conventional breeding of food, forage, industrial and other crops combined with in vitro technologies and methods of genomic and marker-oriented breeding, genome editing, distant hybridization, cell and chromosome engineering, as well as brief communications on the results of the work of leading biotechnological and plant breeding conferences and congresses. The journal is published four times a year. The languages of publications: Russian and English. The publications in the journal are free of charge.

Plant Biotechnology and Breeding

Advanced search

HOME | ABOUT | CURRENT | ARCHIVES | ANNOUNCEMENTS | ONLINE FIRST

Start submission
 Author Guidelines
 Editorial Board
 Editorial Council
 Peer Review
 Publishing Ethics

CURRENT ISSUE
 Vol 5, No 1 (2022) View or download the full issue PDF (RUSSIAN)

FROM THE EDITOR IN CHIEF
 Introductory Article
 E. K. Khlestkina
 PDF (RUS)
 4 63

STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS
 Markers of genes for resistance to late blight, potato virus Y and potato cyst nematode identified in advanced interspecific potato hybrids
 N. M. Zoteeva, O. Yu. Antonova, N. S. Klimentko, T. A. Gavrilenko
 PDF (RUS)
 5-16 203
 Abstract ▾

CONSERVATION OF PLANT GENETIC RESOURCES USING BIOTECHNOLOGICAL APPROACHES
 Cryopreservation of raspberry cultivar accessions bred in Russia from the VIR *in vitro* collection
 A. M. Kamnev, S. E. Dunaeva, N. N. Volkova, O. V. Lisitsyna, T. A. Gavrilenko
 PDF (RUS)

POPULAR ARTICLES
 Combining ability and response to CMS in reverse diploid maize lines developed at VIR
 Vol 2, No 4 (2019)
 Distant hybridization as a method of haploid production in cereals
 Vol 2, No 2 (2019)
 Russian dandelion (*Taraxacum kok-saghyz* Rodin): rubber extraction methods and prospects for biotechnological methods application

<https://biosel.elpub.ru>

«Биотехнология и селекция растений» - это периодический научный журнал, на страницах которого публикуются оригинальные результаты исследований, обзорные статьи, протоколы и методы в области прикладной биотехнологии культурных растений; работы по традиционной селекции продовольственных, кормовых, технических и других культур в сочетании с технологиями *in vitro*, методами геномной и маркер-ориентированной селекции, геномного редактирования, отдаленной гибридизации, клеточной и хромосомной инженерии, а также публикуются краткие сообщения о результатах работы ведущих биотехнологических и селекционных конференций и конгрессов. Журнал выходит четыре раза в год. Языки публикации: русский, английский. Публикации в журнале бесплатные.

The screenshot displays the website for the journal "Биотехнология и селекция растений". At the top, there is a search bar and a navigation menu with links for "ГЛАВНАЯ", "О НАС", "ТЕКУЩИЙ ВЫПУСК", "АРХИВЫ", "ОБЪЯВЛЕНИЯ", and "ПРИНЯТО В ПЕЧАТЬ". Below the navigation, there is a section for the current issue, "ТЕКУЩИЙ ВЫПУСК", which includes the title "Том 5, № 1 (2022)" and a "Скачать выпуск PDF" button. To the right of this section is a vertical menu with options like "Отправить статью", "Правила для авторов", "Редакционная коллегия", "Редакционный совет", "Рецензирование", and "Этика публикаций". The main content area features several article listings. The first article is an introductory article by E. K. Khlestkina, with a PDF link and 63 views. The second article is "ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ" by N. M. Zoteeva et al., with a PDF link and 203 views. The third article is "СОХРАНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ" by A. M. Kannev et al. The right sidebar contains a grid of logos for various databases and services, including DOAJ, COCIIONET, research4life, LENS.ORG, LIBRARY.RU, Google, РГБ, Science Index, WorldCat, Mendeley, CC, unpaywall, and Baidu. Below the logos is a section for "ПОПУЛЯРНЫЕ СТАТЬИ" (Popular Articles) with three entries, each featuring a short description and a "Том" (Volume) reference.

<https://biosel.elpub.ru>

ISSN 2658-6266 (Print); ISSN 2658-6258 (Online)

4 номера в год (ежеквартально) / Publication frequency: Quarterly

<https://biosel.elpub.ru>; e-mail: pbi@vir.nw.ru

Языки: русский, английский / Languages: Russian, English

Индексируется в РИНЦ (НЭБ), DOAJ / Indexed/abstracted by Russian Index of Science Citation, DOAJ

Открытый доступ к полным текстам / Open access to full texts:

<https://biosel.elpub.ru>

<http://www.vir.nw.ru/pbi/>

https://www.elibrary.ru/title_about_new.asp?id=69575

Требования к статьям и правила рецензирования, электронный архив в открытом доступе и иная дополнительная информация размещены на сайте журнала <https://biosel.elpub.ru> / Full information for authors, reviewers, and readers (open access to electronic versions and subscription to print editions) can be found at <https://biosel.elpub.ru>

Прием статей через электронную редакцию на сайте журнала <https://biosel.elpub.ru>. Предварительно необходимо зарегистрироваться как автору, затем в правом верхнем углу страницы выбрать «Отправить рукопись». После завершения загрузки материалов обязательно выбрать опцию «Отправить письмо», в этом случае редакция автоматически будет уведомлена о получении новой рукописи / Manuscripts are accepted via the online editing resource at the Journal's website <https://biosel.elpub.ru>. The sender needs to register as the author and select in the upper righthand corner "Send a manuscript". After the loading of the materials, the option "Send a letter" is to be chosen, so that the editors would be automatically informed that a new manuscript has been received.

Научный редактор: *д.б.н. Е.И. Михайлова*

Переводчик: *С.В. Шувалов*

Корректор: *С.В. Шувалов*

Компьютерная верстка: *Г.К. Чухин*

Адрес редакции:

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42

Тел.: (812) 314-49-14; e-mail: pbi@vir.nw.ru; i.kotielkina@vir.nw.ru

Почтовый адрес редакции

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

Подписано в печать 30.06.2022. Формат 70×100¹/₈.

Бумага офсетная. Печать офсетная.

Печ. л. 7. Тираж 30 экз. Заказ № 377/3.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

«Федеральный исследовательский центр

Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР),

редакционно-издательский сектор ВИР

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42

БИОТЕХНОЛОГИЯ
И СЕЛЕКЦИЯ
РАСТЕНИЙ

5(2), 2022