ВЕСТНИК РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК, 2020, том 90, № 6, с. 522–527

С КАФЕДРЫ ПРЕЗИДИУМА РАН

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ: СТРАТЕГИЯ СОХРАНЕНИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

© 2020 г. Е. К. Хлесткина[a,*], И. Г. Чухина[a,]**

[a] *Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия*

**E-mail: director@vir.nw.ru*

***E-mail: i.chukhina@vir.nw.ru*

Поступила в редакцию 25.02.2020 г.
После доработки 05.03.2020 г.
Принята к публикации 19.03.2020 г.

В статье рассматриваются проблемы сохранения и использования растительных ресурсов в условиях климатических изменений и социально-экономических вызовов. Особое внимание уделяется вопросам сохранения диких родичей культурных растений и староместных сортов как источников генетического разнообразия, утраченного в современном генофонде культурных растений сначала в процессе доместикации, а затем в ходе внедрения в производство интенсивных сортов.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, дикие родичи культурных растений, доместикация *de novo*, ландрасы, климатические факторы, продовольственная безопасность, селекция следующего поколения, староместные сорта, феномика, цифровой севооборот.

DOI: 10.31857/S0869587320060043

Нестабильность климата и, как следствие, усиление воздействия биотических и абиотических факторов на производственные посевы и ценные растительные ресурсы, сохраняемые в местах их обитания, а также потребность в снижении нагрузки химическими средствами защиты растений на окружающую среду и необходимость обеспечивать население достаточным количеством разнообразных и высококачественных продуктов питания требуют новой стратегии, нацеленной на согласованную работу всей цепочки от сохранения генетических ресурсов растений и конструирования генотипов будущих сортов до производства сельскохозяйственной продукции, её хранения, транспортировки и переработки.

ХЛЕСТКИНА Елена Константиновна – доктор биологических наук, директор ВИР им. Н.И. Вавилова. ЧУХИНА Ирена Георгиевна – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ВИР им. Н.И. Вавилова.

Сегодня для устойчивого развития земледелия необходим комплексный подход, базирующийся на анализе привязанных к конкретному месту и времени больших данных о почвенных и климатических характеристиках, урожайности, о возделываемых культурах и их заболеваниях. Причём эти сведения должны соотноситься с таксономическими и генетическими характеристиками сортов растений, почвенной микрофлоры, патогенной флоры, насекомых-вредителей, сорных растений, а также с применяемыми агротехнологиями. Это позволит выстраивать долгосрочные и среднесрочные прогнозные сценарии, важные для выбора правильной стратегии селекции, применять методы математического моделирования к конструированию генотипов будущих сортов, подбору сортового разнообразия, агротехнологий возделывания и планирования севооборота, в том числе цифрового, с целью стабильного сельскохо-

зяйственного производства в конкретном регионе Российской Федерации. Сам по себе сбор больших данных тоже потребует существенной цифровизации и автоматизации оценочных методов. Он тесно связан с развитием высокопроизводительного фенотипирования (феномики) [1].

Потенциальный сдвиг к северу границ возделывания южных культур открывает благоприятную перспективу расширения круга культивируемых видов растений на территории России, что может способствовать социально-экономическому развитию сельской местности за счёт производства высокорентабельных новых культур, а также развитию растениеводства в зоне рискованного земледелия для обеспечения населения этих регионов свежими и полезными для здоровья продуктами питания.

Однако процессы миграции южных культур на север будут неизбежно сопровождаться продвижением в этом направлении и представителей патогенной биоты, что необходимо иметь в виду при подготовке и использовании прогнозных сценариев. Кроме того, следует учитывать, что залогом успеха "осеверения" южных культур становятся не только увеличивающаяся сумма положительных температур в вегетационный период и смягчающиеся условия во время покоя, но и адаптация к изменению других абиотических факторов, в первую очередь длины светового дня. Представители южной флоры – это, как правило, растения "короткого дня", не приспособленные к длинному фотопериоду. Данное свойство с учётом маркер-контролируемого отбора, геномной селекции и селекционных технологий следующего поколения, например, генетического редактирования [2], можно использовать как для адаптации южных культур к длинному световому дню, так и, наоборот, для ограничения распространения на север инвазивных видов растений.

Следует отметить и вызовы технологического характера, которые, вероятно, придётся учитывать в будущем при допуске новых сортов к производству. Ввиду повышенной сложности контроля за генетическими изменениями, вносимыми в геном растения при помощи современных технологий генетического редактирования, потребуются разработка и внедрение специализированных систем интеллектуального анализа, прогнозирования и выявления скрытых "нежелательных записей" в геноме сортов, предлагаемых к производству, а также в геноме линий, передаваемых в отечественные селекционные центры в рамках трансфера технологий.

Очевидно, что достижение стабильных урожаев в изменчивых условиях внешней среды будет базироваться на разнообразии, в том числе сортовом, возделываемых культур. Широкое развитие, вероятно, получит разработанная в Национальном центре зерна им. П.П. Лукьяненко адаптивная система земледелия, предполагающая так называемую мозаику сортов [3].

До недавнего времени приоритетными показателями, оцениваемыми в ходе государственных сортоиспытаний, были признаки продуктивности. Сегодня ситуация меняется, больше внимания уделяться качеству. Важными задачами станут как повышение качества продуктов массового потребления, в первую очередь хлеба, который пока производится с использованием улучшителей [4], так и создание сортов для производства продуктов специализированного питания – функционального, детского, спортивного, диетического и т.д. [5].

Генетические ресурсы – это тот инструмент, который позволяет селекции отвечать на вызовы, связанные с климатическими изменениями, появлением новых патогенов, потребностью в увеличении объёмов сельскохозяйственной продукции и улучшении её качества. Так, генетическое разнообразие мировой культурной флоры, сосредоточенной в старейшем генетическом банке планеты – ВИР им. Н.И. Вавилова, позволило в своё время существенно расширить ареалы возделывания различных культур, интродуцировать новые культуры, освоить зону рискованного земледелия.

В соответствии с Конвенцией о биологическом разнообразии [6] генетические ресурсы – это представляющий фактическую или потенциальную ценность генетический материал растительного, животного, микробного или иного происхождения, содержащий функциональные единицы наследственности. Речь идёт как о живущих, так и о законсервированных материалах, например, гербарных образцах.

Дикие родичи культурных растений (ДРКР) и ландрасы (ЛР, староместные сорта традиционных культурных растений) – важные компоненты генетических ресурсов растений. Они имеют стратегическое значение на национальном, региональном и международном уровнях, в первую очередь для обеспечения продовольственной безопасности и экологической устойчивости в XXI в. Дикие родичи культурных растений – это популяционно-видовые системы дикорастущих растений, которые находятся в эволюционно-генетическом родстве с культурными растениями, входящими с ними в один род [7, с. 3, 8]. Генофонд ДРКР содержит разнообразие, утраченное культурными формами при прохождении через "бутылочное горлышко" доместикации (одомашнивания).

Староместные сорта традиционных сельскохозяйственных культур – это динамические популяции культурных растений, которые могут быть идентифицированы и, как правило, имеют

местное название, лишены формального сортового усовершенствования, адаптированы к местным условиям на территории культивирования и связаны с традиционными системами сельского хозяйства [9]. В отличие от ДРКР, они используются в частном садоводстве и огородничестве, реже – в сельском хозяйстве.

Дикие родичи культурных растений и ландрасы обладают полезными свойствами, которые могут адресно применяться при выведении селекционных сортов, соответствующих изменяющимся условиям окружающей среды и требованиям рынка. Однако сохранением данной группы биоразнообразия пренебрегали и сейчас её игнорируют большинство организаций, работающих в области охраны окружающей среды, а также связанных с сельским хозяйством. Многообразию ДРКР и ЛР угрожают бесхозяйственное отношение человека к окружающей среде и потеря генетического разнообразия. Если дикие родичи культурных растений находятся под угрозой в результате деградации и фрагментации естественной среды обитания, то ландрасы пострадали от замены на современные сорта и изменений практики землепользования – распространения монокультур, применения пестицидов и т.п. Всё, что связано с изучением процессов обеднения генофонда культурных растений и проблемой сохранения староместных сортов, в нашей стране, да и во всём мире, относится к разряду новой проблематики. Вместе с тем повсеместно под натиском коммерческих, однородных в генетическом плане сортов стремительно уменьшаются площади, занятые под староместными сортами, а многие из них исчезли навсегда. Локальные войны и межэтнические конфликты с последующей гуманитарной помощью от мирового сообщества в виде новых селекционных сортов также способствуют их исчезновению [10].

Было показано, что в процессе селекции, начиная с 1920–1930-х годов, из генофонда мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) у итальянских сортов исчезло 14 уникальных аллелей генов запасных белков зерна, у сербских – 5, у саратовских – 7, у краснодарских – 8, у озимых сортов северных регионов России – 40. Генотип сорта Безостая 1 и его потомков в значительной мере определяет генофонд краснодарских, сербских и итальянских сортов, а генотипы Мироновской 808 и Саратовской 29 соответственно – озимых и яровых сортов, возделываемых в средней полосе и Сибири [11–13]. Таким образом, можно говорить об эрозии генофонда мягкой пшеницы и утрате уникальных коадаптированных генных комплексов, сформировавшихся в течение длительного времени.

Историко-политические особенности развития нашей страны кардинально повлияли на сохранение генофонда староместных сортов, в связи с чем большинство из отечественных ландрасов утрачено в местах их формирования, но многие сохранились в коллекции ВИР им. Н.И. Вавилова.

История изучения разнообразия культурных растений и их диких родичей в России насчитывает более 100 лет, начиная с фундаментальных трудов Р.Э. Регеля, Н.И. Вавилова и их последователей. На первых этапах внимание исследователей было приковано к выяснению происхождения отечественного и мирового разнообразия культурных растений, изучению ближайших их родичей, непосредственно давших начало тем или иным культурам или участвовавшим в их генезисе. Н.И. Вавилов считал, что в основе углублённого познания эволюции культурных растений лежит исследование их диких родичей.

Николай Иванович отмечал трудоёмкость такой работы, требующей “сбора многих тысяч образцов по одному и тому же виду” – живых форм и “полного гербария” [14]. Почему так много? В данном случае интерес представляет максимальное разнообразие каждого вида, причём наиболее интересными могут быть не типичные представители, а редкие с аллельными вариантами генов, которые как раз и ценны для селекции. В этом состоит специфика собрания генетических ресурсов растений, в отличие от коллекций, создающихся с целью представить таксономическое разнообразие и сохранить некоторые типичные образцы каждого таксона. Они важны для процесса обучения и популяризации, но не могут заменить коллекции генетических ресурсов – основы создания будущих сортов.

Начало исследованиям по инвентаризации разнообразия ДРКР были положены В.В. Никитиным и О.Н. Бондаренко (Коровиной), опубликовавшими первую сводку по их разнообразию на территории Советского Союза [15]. В дальнейшем О.Н. Коровина заложила основы методических подходов и разработала ряд практических мер, направленных на сохранение генофонда. Именно она впервые в нашей стране предложила сохранять разнообразие ДРКР как в местах их естественного произрастания (*in situ*), так и в коллекциях (*ex situ*) [16]. Такой подход сейчас представлен как комплементарная стратегия сохранения *ex situ/in situ* [8, 17, с. 126.]. *Ex situ* включает сбор образцов, их передачу и хранение за пределами первоначальных мест обитания популяций данного вида – в генетических банках, коллекциях ботанических садов, питомниках. *In situ* – сохранение, регулирование и мониторинг популяций отдельных видов в их естественной среде обитания или там, где они приобрели свои отличительные характеристики. Сохранение генофонда ландрасов в местах их произрастания у

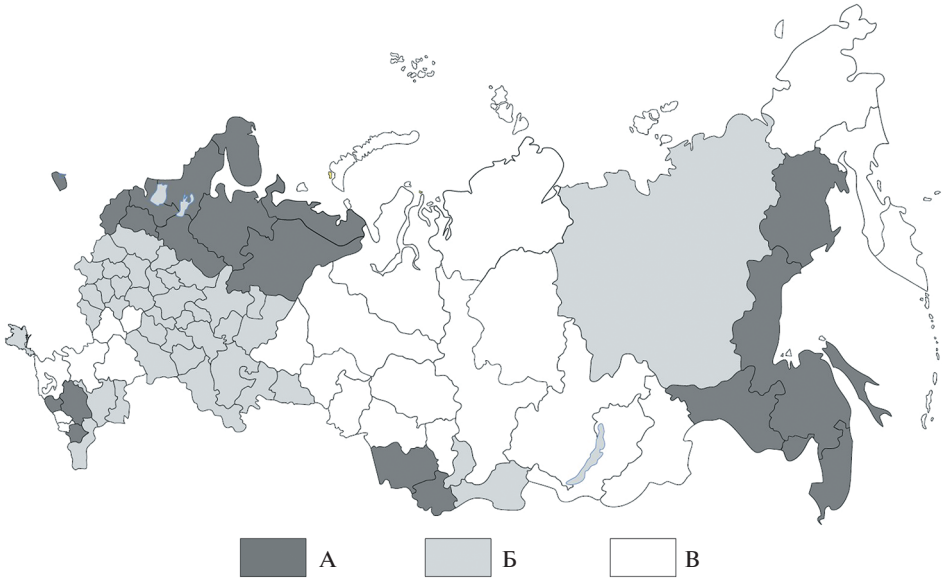

Рис. 1. Изученность разнообразия диких родичей культурных растений России: *А* – разнообразие ДРКР проинвентаризировано, даны рекомендации по сохранению их генофонда; *Б* – составлен только предварительный список ДРКР; *В* – разнообразие ДРКР не проинвентаризировано

фермеров в традиционном сельском хозяйстве, садоводстве или сельско-лесохозяйственных системах – *on farm* сохранение – предполагает устойчивое управление генетическим разнообразием местных сортов сельскохозяйственных культур и связанных с ними диких и сорных видов и форм [8].

Несмотря на то, что стратегия сохранения разнообразия диких родичей культурных растений и ландрасов имеет региональные отличия и зависит от природных условий, сведений о современном разнообразии генетических ресурсов растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства, финансовых и человеческих ресурсов, заинтересованности различных правительственных учреждений и общественных организаций, она подразумевает принятие ряда общих мер, направленных на успешное сохранение многообразия ДРКР и ЛР. К ним относятся:

• инвентаризация разнообразия ДРКР и ЛР и подготовка национальных кадастров;

• сопоставление имеющихся оценок угроз генофонду ДРКР и ЛР;

• определение приоритетных для сохранения таксонов ДРКР и ЛР;

• таксономический и эколого-географический анализ приоритетных ДРКР и ЛР;

• молекулярно-генетический анализ приоритетных ДРКР и ЛР;

• анализ недостатков (ГЭП-анализ) – определение пробелов *in situ* и *ex situ* сохранения.

Сегодня сотрудники Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова продолжают исследовать разнообразие диких родичей культурных растений с целью создания единой национальной программы по сохранению их генофонда *in situ*, которая учитывает природные и экономические особенности России. Её положения разрабатываются на основе более чем векового опыта ВИР им. Н.И. Вавилова в этой области и современных международных практик. Предлагаемая стратегия состоит из нескольких взаимосвязанных блоков:

• инвентаризация разнообразия диких родичей культурных растений России;

• выбор объектов (таксонов или популяций), приоритетных к сохранению;

• выбор территорий для сохранения *in situ;*

• разработка рекомендаций по мониторингу и менеджменту для разных объектов сохранения *in situ*.

В нашем институте идёт инвентаризация диких родичей культурных растений, применяемых в сельском хозяйстве страны, а именно зерновых, овощных, плодовых, ягодных культур, которые обеспечивают продовольственную безопасность и используются как пища для людей и корм для животных, а также технических растений – источников растительных масел, волокон, каучука. Предварительный список ДРКР сельскохозяйственных культур насчитывает 1701 вид из 49 семейств и 175 родов. Наибольшее число видов относятся к семействам Poaceae (491 вид), Fabaceae (273), Rosaceae (177), Alliaceae (106). Максималь-

ное число ДРКР содержат роды *Allium* L. (106 видов), *Poa* L. (103), *Festuca* L. (82), *Rosa* L. (65), *Lathyrus* L. (62). Анализ видов ДРКР по типу использования показывает, что несомненное лидерство принадлежит кормовым растениям – 398 видов, далее идут продовольственные (плодовые, ягодные и овощные) – 346.

В результате географического анализа выяснилось, что наибольшее число ДРКР – 868 видов – произрастает в пределах Европейской части России, из которых 152 вида, распространённых в нашей стране, ограничиваются только её европейской частью, а 18 являются эндемиками данной территории (*Agropyron tanaiticum* Nevski, *Agrostis korczaginii* Senjan.-Korcz., *Avena aemulans* Nevski, *Rosa microdenia* Mironova, *Lotus zhegulensis* Klokov и др.). На российском Кавказе, наиболее богатом во флористическом отношении, встречаются 766 видов ДРКР. Дикие родичи культурных растений на российском Дальнем Востоке имеют свои отличительные черты: из 606 видов более трети (223) произрастает только там. В Восточной Сибири обитает 564 вида ДРКР. Меньше всего их сконцентрировано в Западной Сибири (544). Ревизия генофонда диких родичей культурных растений России ещё далека от завершения, степень его изученности представлена на карте-схеме (рис. 1).

Анализ разнообразия ДРКР, используемых в сельскохозяйственном производстве, по степени участия в селекционном процессе показал, что 222 вида представлены в культуре, ещё 72 – как источники генов или подвои. Таким образом, в сельскохозяйственном производстве находится чуть более 2% фитогенофонда страны. Современные генетические технологии [2] позволяют в ускоренном виде проводить доместикацию (*de novo*) диких родичей [18, 19], что расширяет возможности применения ДРКР в практической селекции и многократно повышает ценность этого генофонда.

Нестабильность климата, новые биотические и абиотические факторы стресса в местах обитания ДРКР не способствуют сохранению генофонда. Его постоянный мониторинг и своевременное принятие решений по переходу от *in situ* к *ex situ* в отношении видов, находящихся под угрозой, – ещё один элемент стратегии сбережения генетических ресурсов в Российской Федерации. Разнообразие методов сохранения *ex situ* [20], дублирование, для которого можно объединить усилия научно-исследовательских университетов страны под эгидой сетевой отечественной коллекции генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей, – это способ надёжного обеспечения продовольственной безопасности страны.

ИСТОЧНИК ФИНАНСИРОВАНИЯ

Работа выполнена в рамках государственного бюджетного проекта 0662-2019-0005.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Афонников Д.А., Генаев М.А., Дорошков А.В. и др.* Методы высокопроизводительного фенотипирования растений для массовых селекционно-генетических экспериментов // Генетика. 2016. № 7. С. 788–803.
2. *Колчанов Н.А., Кочетов А.В., Салина Е.А. и др.* Состояние и перспективы использования маркер-ориентированной и геномной селекции растений // Вестник РАН. 2017. № 4. С. 348–354; *Kolchanov N.A., Kochetov A.V., Salina E.A., Pershina L.A., Khlestkina E.K., Shumny V.K.* Status and Prospects of Marker-Assisted and Genomic Plant Breeding // Herald of the Russian Academy of Sciences. 2017. V. 87. № 2. P. 125–131.
3. *Романенко А.А.* Новая сортовая политика и сортовая агротехника озимой пшеницы. Краснодар: ЭДВИ, 2005.
4. *Хлесткина Е.К., Пшеничникова Т.А., Усенко Н.И., Отмахова Ю.С.* Перспективные возможности использования молекулярно-генетических подходов для управления технологическими свойствами зерна пшеницы в контексте цепочки “зерно – мука – хлеб” // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2016. № 4. С. 511–527; *Khlestkina E.K., Pshenichnikova T.A., Usenko N.I., Otmakhova Yu.S.* Prospective applications of molecular genetic approaches to control technological properties of wheat grain in the context of the “grain – flour – bread” chain // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2016. V. 20. № 4. P. 511–527.
5. *Хлесткина Е.К., Усенко Н.И., Гордеева Е.И. и др.* Маркер-контролируемое получение и производство форм пшеницы с повышенным уровнем биофлавоноидов: оценка продукции для обоснования значимости направления // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2017. № 5. С. 545–553. *Khlestkina E.K., Usenko N.I., Gordeeva E.I., Stabrovskaya O.I., Sharfunova I.B., Otmakhova Y.S. et al.* Evaluation of wheat products with high flavonoid content: justification of importance of marker-assisted development and production of flavonoid-rich wheat cultivars // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2017. V. 21. № 5. P. 545–553.
6. Convention on biological diversity. Rio de Janeiro. 1992. June 05. United Nations, 1992.
7. Дикие родичи культурных растений России. Каталог мировой коллекции ВИР / Сост. Т.Н. Смекалова, И.Г. Чухина. СПб.: ГНЦ РФ ВИР им. Н.И. Вавилова, 2005.
8. *Maxted N., Ford-Lloyd B.V., Hawkes J.G.* Plant Genetic Conservation: The *in stu* Approach. London: Chapman & Hall, 1997.
9. *Negri V., Maxted N., Veteläinen M.* European Landrace Conservation: an Introduction // Bioversity Technical Bulletin. 2009. № 15. P. 1–22.

10. *Алексанян С.М.* Агробиоразнообразие и геополитика. СПб.: ГНЦ РФ ВИР им. Н.И. Вавилова, 2002.

11. *Новосельская-Драгович А.Ю., Крупнов В.А., Сайфулин Р.А., Пухальский В.А.* Динамика генетического разнообразия саратовских сортов мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. (по глиадинкодирующим локусам) за 80-летний период научной селекции // Генетика. 2003. № 10. С. 1338–1346.

12. *Новосельская-Драгович А.Ю., Фисенко А.В., Имашева А.Г., Пухальский В.А.* Сравнительный анализ динамики генетического разнообразия по глиадинкодирующим локусам среди сортов озимой мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L., созданных за 40-летний период научной селекции в Сербии и Италии // Генетика. 2007. № 11. С. 1478–1486.

13. *Хлесткина Е.К., Салина Е.А., Шумный В.К.* Генотипирование отечественных сортов мягкой пшеницы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров // Сельскохозяйственная биология. 2004. № 5. С. 44–52.

14. *Vavilov N.I.* Wild progenitors of the fruit trees of Turkestan and the Caucasus and the problem of the origin of fruit trees // Report and Proceedings of the IXth International Horticultural Congress. London, 1930. London, 1931. P. 271–286.

15. *Никитин В.В., Бондаренко О.Н.* Дикие сородичи культурных растений и их распространение на территории СССР (конспект). Л.: [ВИР], 1975.

16. *Алексанян С.М., Пономаренко В.В., Бурмистров Л.А. и др.* Современные методы и международный опыт сохранения генофонда дикорастущих растений (на примере диких плодовых). Программа развития ООН в Казахстане. Алматы, 2011.

17. Природный генофонд дикорастущих родичей культивируемых растений флоры СССР и его охрана (аннотированный перечень) / Сост. О.Н. Коровина. Л.: ВИР, 1986.

18. *Хлесткина Е.К.* Геномное редактирование как машина времени, или Доместикация за пару лет // Наука из первых рук. 2016. № 5–6. С. 72–75.

19. *Khan M.Z., Zaidi S.S., Amin I., Mansoor S.* A CRISPR way for fast-forward crop domestication // Trends Plant Sci. 2019. V. 24. № 4. P. 293–296.

20. *Börner A., Khlestkina E.K. Ex situ* genebanks – seed treasure chambers for the future // Russian J. Genet. 2019. V. 55. № 11. P. 1299–1305.