

Уважаемые читатели!

Представляем вашему вниманию второй выпуск нового периодического научного журнала «Биотехнология и селекция растений», на страницах которого публикуются оригинальные результаты исследований, обзорные статьи, протоколы и методы в области прикладной биотехнологии культурных растений, а также результаты традиционной селекции в сочетании с технологиями *in vitro*, методами геномной и маркер-ориентированной селекции, геномного редактирования, отдаленной гибридизации, клеточной и хромосомной инженерии (<http://new.vir.nw.ru/pbi/>).

Возможности применения методов современной селекции к той или иной культуре напрямую зависят от степени изученности генома данного вида. Среди геномов сельскохозяйственных видов растений первым был секвенирован геном риса, что во многом определяет опережающие темпы развития как генетических исследований, так и технологий маркер-ориентированной селекции и геномного редактирования данной культуры. В текущем выпуске журнала представлены результаты работы отечественных селекционеров по созданию сортов риса, устойчивых к пирикулярриозу, на основе применения ДНК-технологий. Маркер-контролируемый отбор потомства от трех возвратных скрещиваний с использованием маркера гена *Pi-ta* распецифической устойчивости риса к пирикулярриозу позволил выделить несколько устойчивых образцов, переданных в дальнейшем в ГСИ.

Одним из преимуществ метода маркер-ориентированной селекции является возможность проводить отбор источников устойчивости растений к объектам внешнего и внутреннего карантина. В данном выпуске представлены результаты использования аллель-специфичного ДНК маркера гена устойчивости к бледной картофельной нематоды для идентификации потенциально устойчивых генотипов в коллекции сортов картофеля.

При подборе родительских пар для скрещиваний ценной является информация о степени их генетического сходства. Наиболее распространенной системой выяснения генетических взаимосвязей сортов риса является микросателлитный (SSR) анализ. В выпуске представлены результаты SSR-анализа современных сортов риса из России, Средней и Восточной Азии, которые представляют различные эколого-географические группы.

Полученные к настоящему моменту сведения о структурно-функциональной организации большого числа генов риса предоставляют возможность широкого выбора генов-мишеней для селекции следующего поколения, основанной на методах направленного мутагенеза. Одним из наиболее эффективных



методов направленного мутагенеза является геномное редактирование при помощи системы CRISPR/Cas. На сегодняшний день эта система апробирована на десятках генов-мишеней риса, из которых мутации более чем в 30 генах привели к желаемому улучшению селекционно значимых свойств. В обзорной статье, публикуемой в данном выпуске, представлен анализ работ в этом направлении. Отмечается, что в эти исследования вовлечены уже около полусотни различных генотипов риса, что создает предпосылки для широкого практического применения технологий геномного редактирования в программах по селекции данной культуры. Становится все больше примеров использования системы редактирования CRISPR/Cas не только для нокаута генов, способствующих проявлению нежелательных свойств, но и для модификации или замены аллельных вариантов генов-мишеней. Таким образом можно расширять генетическое разнообразие культурных видов, в том числе внося изменения, идентичные встречаемым у диких родичей, которые способствуют улучшению свойств культурных растений. В будущем это позволит обойти сложности, с которыми экспериментаторы сталкиваются при проведении отдаленной гибридизации с целью передачи культурным растениям аллелей диких родичей путем рекомбинации.

В хромосомной инженерии потенциал отдаленной гибридизации используется как для создания интрогрессивных форм, так и для получения анеуплоидных и делеционных линий культурных видов растений. Для некоторых таксонов сценарии геномных из-

менений, происходящие в результате отдаленной гибридизации, хорошо изучены. Однако есть менее исследованные в этом направлении виды. В выпуске представлена статья, описывающая результаты изучения формы, полученной при скрещивании представителей родов *Fragaria* L. и *Potentilla* L. Комплексное исследование с использованием ДНК-маркеров и цитогенетических методов анализа позволило установить, что в результате скрещиваний произошла редукция хромосомного набора октоплоидной родительской формы *Fragaria* × *ananassa* Duch. до гексаплоидной. Другой известный сценарий скрещивания данной родительской формы с представителями рода *Potentilla* — получение октоплоидных партеногенетических потомков.

Данные сравнительного анализа геномов указывают на то, что многие представители царства растений прошли в ходе своего эволюционного развития через аллополиплоидизацию с последующей диплоидизацией, сопровождаемой множественными хромосомными перестройками. Например, современная диплоидная кукуруза является результатом цепочки произошедших еще до ее одомашнивания событий, включавших по два акта полиплоидизации и диплоидизации. Сегодня эксперименты с полиплоидизацией кукурузы продолжают уже в рамках целенаправленных селекционных работ. Тетраплоидная сахарная кукуруза отличается высокой урожайностью, а результаты исследования, представленные в данном выпуске, указывают на большую вариабельность признаков тетраплоидных форм по сравнению с диплоидными, включая свойства, связанные с биохимическим составом зерна. Создание гибридов сахарной кукурузы на основе тетраплоидных линий, описанных в статье, позволит

существенно увеличить генетический полиморфизм и расширить современный сортимент кукурузы.

Мы приглашаем наших читателей рассказать о своих достижениях в области биотехнологии и селекции растений на страницах журнала (<https://biosel.elpub.ru/jour>). Также приглашаем принять участие в международном конгрессе «VII съезд ВОГиС, посвященный 100-летию кафедры генетики СПбГУ, и ассоциированные симпозиумы», который состоится в Санкт-Петербурге 18–22 июня 2019 года (<https://events.spbu.ru/events/genetic-selection-2019>). Его программа включает несколько заседаний, темы которых так или иначе связаны с направлением нашего журнала. Это симпозиумы «Селекция и биотехнология растений», «Генетические основы селекции», «Редактирование генома», «Биоресурсные коллекции и геномные биобанки», а также ассоциированная с Конгрессом конференция «Хлеба будущего», приуроченная к 125-летию ВИР.

Главный редактор,
профессор РАН,
Е. К. Хлесткина