

Значај генетичке варијабилности дивљих сродника у оплемењивању гајених биљака

Виолета Анђелковић, Зоран Јововић, Ново Пржуљ

Сажетак: *Изазов обезбјеђивања глобалне сигурности у производњи и доступности хране широм свијета веома је велики и захтјеван. Очекиван пораст насељености на Земљи, промјене у потребама и навикама у исхрани, повећаће потражњу у прехранбеним системима у наредним деценијама, много више него што је предвиђено повећање приноса гајених биљака. Ограничења у земљишту, води и другим природним ресурсима, конкуренција између обрадивих земљишта и земљишта са другим намјенама, деградација тла, климатске промјене и потреба да се минимизирају штетни утицаји на екосистем и биодиверзитет, додатно ограничавају постојећи потенцијал за производњу хране. Иако се повећана доступност хране може дјелимично добити промјеном начина исхране и повећавањем продуктивности, одрживост постојећих пољопривредних система је неопходна. Основа за повећање одрживости је употреба новог генетичког диверзитета у оплемењивању биљака, да би се створиле сорте које имају особине попут толерантности на сушу и*

Цитирање: Анђелковић В, Јововић З, Пржуљ Н (2020) Значај генетичке варијабилности дивљих сродника у оплемењивању гајених биљака. У: Пржуљ Н, Тркуља В (уредници) Од генетике и спољне средине до хране. Академија наука и умјетности Републике Српске, Бања Лука, Монографија XLI:91–126

Cite as: Anđelković V, Jovović Z, Pržulj N (2020) Significance of wild relatives genetic variability in cultivated plants breeding. In: Pržulj N, Trkulja V (eds) From genetics and environment to food. Academy of Sciences and Arts of the Republic of Srpska, Banja Luka, Monograph XLI:91–126

високе температуре, повећане отпорности на штеточине и болести и побољшан квалитет биљних дијелова који се користе у исхрани људи.

Као извори нове варијабилности, дивљи сродници гајених биљних врста већ се деценијама користе у оплемењивању биљака, доприносећи великом броју корисних агрономских и хранљивих особина. Очекује се да ће се њихова употреба повећати као резултат сталних повећања информација о дивљим врстама и њиховом диверзитету, те напретку метода у конвенционалном и молекуларном оплемењивању. Оваква очекивања заснована су на претпоставци да ће дивљи сродници гајених биљака бити лако доступни за истраживање и оплемењивање биљака, што захтијева њихово организовано прикупљање, конзервацију, као и приступ гермплазми у банкама гена и заштићеним подручјима гдје се они чувају. Колекције у банкама гена често су непотпуне и не обухватају постојећу варијабилност дивљих сродника. Њихово колекционисање треба посебно фокусирати на подручја са екстремним климатским условима, гдје је могуће пронаћи ген/особине који се не налазе у природним (нормалним) еколошким условима. Процеси увођења генетског диверзитета из дивљих сродника у гајене биљке дуготрајни су и започињу у природи, гдје ботаничари, таксономи и експерти генетичких ресурса сакупљају дивље сроднике. Затим куратори у банкама гена обављају конзервацију и карактеризацију; генетичари, агрономи, фитопатолози, ентомолози и физиолози даљу евалуацију, а након тога предоплемењивачи и оплемењивачи уграђују пожељне алеле у нове сорте.

Велике збирке гермплазми у банкама гена у којима су дивљи сродници мало заступљени, као и евалуација узорака у различитим спољашњим срединама, које нису циљано биране према потенцијалној употреби у оплемењивању, разлози су мале употребљивости сродника гајених биљака. Генерално, недостају информације о карактеристикама које имају економски значај, а које често имају високу интеракцију генотипа и спољашње средине. Све ово представља проблем за оплемењиваче да успјешно одаберу одговарајућу генетичку дивергентност и изворе варијабилности за своје оплемењивачке програме.

Иако су банке гена значајно олакшале употребу дивљих сродника, њихов недостатак је што посједују само дио укупне генетске варијабилности која постоји у дивљим сродницима. Код *ex situ* конзервације, узорци нису изложени процесима селекције којима су изложене природне популације, чиме се чува еволуцијски процес. Предност конзервације *in situ* је што омогућава стварање нове варијабилности, која настаје као резултат адаптације популација на услове средине и биотичке факторе, што је

посебно значајно у контексту садашњих климатских промјена. То значи да је, поред *ex situ* колекција, потребно располагати и са *in situ* конзервацијом дивљих сродника, у циљу одржавања много шире генетске разноликости и осигурати да станишта на којима расту дивљи сродници буду заштићена, да би те биљне врсте наставиле да се развијају у дивљини.

Тачно дефинисани односи између гајених биљака и дивљих сродника од посебног су значаја за искоришћавање погодности дивље гермплазме. Ефикасна употреба дивљих сродника захтијева њихову тачну идентификацију, класификацију и карактеризацију. Идентификација само на основу морфолошких особина често доводи до погрешних систематизација, посебно у случају морфолошки сличних и повезаних врста. Највећи број узорака у колекцијама банака гена идентификован је само до нивоа рода. Стога је прецизна идентификација неопходна за детерминацију гена и дефинисање начина њиховог трансфера у процесу оплемењивања.

Обезбјеђење оплемењивача генетичком разноликошћу дивљих сродника кроз поступак предоплемењивања, веома је корисно за брже и ефикасније уношење пожељних особина из дивљих сродника у модерне сорте. Процесом предоплемењивања не добијају се сорте које се могу директно гајити, већ скуп генотипова који садрже носиоце пожељних алела који ће се касније, укрштањима, уградити у нове сорте. У данашњим програмима оплемењивања, хибридизација представља основни начин уношења нових гена у гајене биљке. Велики број гајених биљака има дивље сроднике са којима су компатибилни и могуће је једноставном хибридизацијом користити њихове гене за побољшање неких особина гајених биљака. Изналажење нових метода за укрштање гајених биљака и њихових дивљих сродника, трајан је задатак у циљу ефикасног коришћења генетичке варијабилности дивљих сродника. Након обављених укрштања, потребно је формирати довољно велику популацију потомства због проучавања ефекта унијетог гена, његовог мапирања у геному и његове експлоатације употребом селекције помоћу маркера. Примјена савремених молекуларних и геномских техника у идентификацији гена од интереса у дивљим сродницима гајених биљака, може убрзати процес стварања супериорних култивара за потребе повећане пољопривредне производње.

Прелиминарне процјене указале су на неке недостатке код чувања дивљих сродника у банкама гена, а и природним стаништима дивљих популација бројних врста пријети опасност од нестанка, због претварања

природних станишта у пољопривредна, или њиховог смањења урбанизацијом, инвазивним врстама, рударством, климатским промјенама и/или загађивањем. Због тога је неопходна координисана активност посвећена очувању и доступности дивљих сродника гајених биљака, у циљу њихове употребе у побољшању гајених биљака, што је од великог значаја, како за очување биолошке разноликости, тако и за остваривање сигурности у обезбјеђивању хране.

Кључне ријечи: Дивљи сродници, генетички ресурси, климатске промјене, побољшане сорте

3.1. Увод

Свјетска популација би, према процјенама, до 2050. године достигла 9,3 милијарде становника, што намеће потребу повећане производње хране на обрадивом земљишту и са водним ресурсима који се све више смањују. Поред тога, посљедице климатских промјена, уз које иду и најразличитије еколошке и технолошке промјене, утицаће и на количину, квалитет и доступност биљних и сточарских производа, као и на пољопривредне екосистеме у цјелини, на глобалном, регионалном и локалном нивоу. Такви захтјеви стављају у први план значај обезбјеђивања потребних количина квалитетне хране већим искоришћавањем постојећих природних ресурса.

Биљни генетички ресурси имају непроцјењив значај у производњи хране и још више добијају на значају због растуће популације и потребе обезбјеђивања стабилне производње хране. Даље оплемењивање у циљу стварања приноснијих гајених биљака, посебно у свјетлу климатских промјена, биће све више усмјерено на генетичке ресурсе, због богатства у диверзитету, који је до сада недовољно коришћен, а можда и недовољно сачуван за поједине врсте и дијелове свијета (Jovović and Kratovalieva 2016).

Гајење биљака започето је пре око 10.000 година. Одабиром врста које су биле погодне као храна, или за другу употребу, људи су отпочели процес доместификације и тако утицали на процес еволуције биљака (Diamond 2002; Zohary et al. 2012). Сам процес доместификације био је спор, сложен и дуготрајан и обухватао је многе врсте које се и данас гаје. Тако је, на примјер, доместификација пшенице започела гајењем пшенице у области Плодног Полумјесеца, а одатле се проширила на Европу (Zohary et al. 2012). Од укупног броја од око 300.000 виших биљака, само неколико стотина је у потпуности доместификовано. Према подацима Организације Уједињених

нација за храну и пољопривреду (FAO 2015) (*Food and Agriculture Organization of the United Nations*, FAO), 90% хране у људској исхрани је од само 30 гајених биљака, а од 30.000 јестивих биљака, свега 150 се гаји, што представља смањење генетичког диверзитета од око 75% у односу на претке и остале дивље сроднике биљака (van Heerwaarden et al. 2011; Sethi et al. 2015). У процесу доместификације када је долазило до смањења генетичке варијабилности, могу се издвојити двије фазе: прва, иницијална фаза доместификације дешавала се када су се дивље популације једне биљне врсте издвајале у циљу њиховог гајења. У другој, побољшаној фази, долазило је до даљег губитка диверзитета, оплемењивањем и одабиром популација које су посједовале пожељна својства. Потешкоће у проучавању процеса доместификације узроковане су сљедећим разлозима: сама доместификација започета је пре више хиљада година; долазило је до укрштања и размјене генетичког материјала са дивљим сродницима, као и до промјена подручја распрострањености и истискивања природних популација из њихових примарних центара (Flint-Garcia 2013). Међутим, велики број дивљих биљака још увијек се гаји на малим подручјима, а с друге стране налазе се биљке које су створене процесом оплемењивања, тако да је тешко направити прецизно раздвајање, које је у основи повезано са степеном људске активности у одабиру и гајењу одређених биљака и популација на одређеном простору.

Послије доместификације, многе врсте су се прошириле и почеле да гаје у новим спољашњим срединама, удаљеним од њихових центара поријекла. То се десило и са већином биљака које су веома значајне за исхрану људи, као што су: пиринач (*Oryza sativa*), пшеница (*Triticum aestivum*), соја (*Glycine max*), шећерна трска (*Saccharum spp.*), парадајз (*Solanum lycopersicum*), кукуруз (*Zea mays*), и кромпир (*Solanum tuberosum*) (FAO 2015). Данас је пољопривредна производња заснована на том малом броју гајених биљака, а од много мањег значаја је гајење и интродукција нових биљака из дивљих, природних ресурса. Малобројне гајене биљне врсте резултат су оплемењивања за остваривање високих приноса у одређеним климатским и едафским условима гајења уз интензивну агротехнику. На другој страни налази се екстензивна пољопривредна пракса, гдје се на малим подручјима гаје различите биљне врсте, погодне за локалне потребе и услове гајења. Употреба дивљих биљака у циљу унапређења пољопривредне производње, њиховим директним гајењем или употребом као извора квалитативних и квантитативних својстава за инкорпорацију у гајене биљке, препоручена је и од стране FAO. Препорука подразумијева гајење дивљих биљака за локалну производњу хране у области одрживе пољопривреде. Дивље биљке су биљне врсте које расту спонтано у природним екосистемима, за чију

репродукцију и одржавање није потребна активност људи. Насупрот њима, гајене су доместификоване биљке, које су резултат планских активности човјека кроз процесе одабира, оплемењивања, контролисаног умножавања и дистрибуције. У дивље биљке спадају: дрвеће, жбуње, цвијеће, траве, лишајеви и гљиве. Оне представљају дио природног диверзитета, расту самоникло, без активности човјека, на пољима и ливадама, влажним земљиштима, приобалним дијеловима, брдима и планинама. Дивље јестиве биљке (*Wild Edible Plants*, WEPs) представљају дио природних ресурса и извора хранљивих састојака које су од великог значаја за исхрану становништва у малим и руралним подручјима. Иако недовољно искоришћене и без значаја за исхрану људи у развијеним областима, ове биљке традиционално се користе у исхрани људи у различитим, мањим областима широм свијета. Њихов локални значај заснива се на разноврсној употреби – у исхрани људи, као гориво, као љековите биљке, извор влакана и дрвета итд. – што представља и дио традиције, знања и искуства које се стицало и преносило с једне генерације на другу (Slikkerveer 1994). У новије вријеме, етнотаника проучава традиционалну употребу и искоришћавање дивљих биљака, како би се то знање и искуство примијенило на модерно друштво, првенствено у фармацеутској индустрији и медицини (Snader and McCloud 1994).

Убрзана замјена традиционалних биљних сората новим, генетички униформним култиварима, довела је до значајне генетичке ерозије. Смањена генетичка варијабилност, смањује и адаптабилност и способност култивара да одговори на услове спољашње средине без значајнијих посљедица по принос и преживљавање биљке (Jovović and Kratovalieva 2016). У стварању нових, високоприносних култивара, толерантних на абиотичке и биотичке факторе, са повољним нутритивним својствима, највеће ограничење представља уска генетичка основа модерних култивара. Стога је употреба дивљих сродника и интрогресија пожељних својстава у модерне култиваре, веома значајна и препоручљива за стабилну и одрживу пољопривредну производњу (Jovović et al. 2013). Поред дивљих сродника, постоје и недовољно проучене биљне врсте, које нису доместификоване, а које би могле бити коришћене као значајан извор пожељних својстава за поправку постојећих култивара. Зато је проучавање поријекла гајених биљака и њихове повезаности са дивљим сродницима, предмет дугогодишњих истраживања научника из различитих области. Повећан интерес за проучавање процеса доместификације од великог је значаја за искоришћавање великог потенцијала дивљих сродника биљака за поправку модерних култивара.

Због великог генетичког диверзитета, дивљи сродници биљака имају велики потенцијал адаптације на различите услове спољашње средине (Nevo and Chen 2010). То је допринијело њиховој употреби у програмима оплемењивања, првенствено на толерантност према биотичком и абиотичком стресу, највише код гајених биљака на којима се дуго радило на планском оплемењивању од стране човјека (Pavek and Corsini 2001; Sheehy et al. 2005). Предоплемењивачки програми, уз примјену нових молекуларних метода и техника, дали су резултате код пшенице, пиринча и парадајза (Nemeth et al. 2015), док су код других гајених биљака идентификовани носиоци пожељних својстава у дивљим сродницима, али још увијек није дошло до успјешне имплементације кроз програме оплемењивања (кукуруз, луцерка, слатки кромпир, сточни грашак) (Jovović et al. 2020).

Највећи проблем у оплемењивању биљака представља њихова осјетљивост и мала толерантност на биотички и абиотички стрес. Селекција на повећан принос водила је ка повећању метаболичке активности у правцу раста, што је утицало на повећање осјетљивости на стресне факторе (Rosenthal and Dirzo 1997). Оплемењивање које је било усмјерено на мали број гена, утицало је на значајно сужавање генетичке варијабилности гајених биљака и губитак гена који су били поријеклом из дивљих сродника (Hufford et al. 2012). Оплемењивачи су, углавном, повећање приноса доводили у негативну корелацију са повећаном толерантношћу на стрес, али има и примјера гдје оплемењивање на повећан принос није умањило ефекат инкорпорације више гена за повећану отпорност биљке (Kaplan et al. 2009). Дивљи сродници биљака представљају драгоцјен извор гена, који, уз повећану отпорност на абиотичке и биотичке факторе стреса, неће довести до великог смањења приноса. Ова својства могу се пренијети из дивљих сродника у модерне култиваре класичним оплемењивањем или новим методама молекуларне генетике (Mammadov et al. 2018).

3.2. Потенцијал дивљих сродника за оплемењивање гајених биљака

Дивљи сродници неких гајених биљака (луцерка, касава, леблебија, сточни грашак, кукуруз, слатки кромпир) посједују генетичку варијабилност за различита својства од интереса за потребе оплемењивања (Smýkal et al. 2018). Примјер могу бити дивљи сродници кукуруза, *Teosinte* и *Tripsacum*, који се не истражују и не искоришћавају као дивљи сродници неких других

биљних врста. Разлог је велика варијабилност која још увијек није у потпуности искоришћена и богатство пожељних особина акумулирано у локалним популацијама (Vančetović et al. 2013; Babić et al. 2015; Anđelković et al. 2016). С друге стране, неке гајене биљке, као нпр. јечам, хљебна и дурум пшеница, сирак, сочиво, пиринач, кромпир, соја, те јабука и банана, имају недовољну генетичку варијабилност за неке особине значајне за оплемењивање, због чега су постале јако осјетљиве на абиотичке и биотичке стресове, па дивљи сродници биљака добијају све већи значај као нови извори резистентности (Dempewolf et al. 2017). Поред тога, могу се користити као извор за побољшање нутритивне вриједности, као што је садржај протеина у пшеници, калцијума код кромпира и провитамина А код парадајза. Недостатак минерала у исхрани, нарочито цинка и гвожђа, заступљен је код преко три милијарде људи широм свијета. Дивља двозрна пшеница (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) представља веома богат извор пожељних алела за повећан садржај микронутријената у зрну (Mladenov et al. 2001; Peleg et al. 2009; Pržulj et al. 2014). Повећање садржаја калцијума у кртолама кромпира утиче на побољшање квалитета и дужине складиштења кртола, што доприноси и повећању производње, а што је могуће остварити и производњом трансгеног кромпира (Park et al. 2005).

И поред великог значаја дивљих сродника, као извора пожељних алела, оплемењивачи их углавном не користе директно у својим програмима, већ после фазе предоплемењивања (*Prebreeding*). То је концепт који представља везу између генетичких ресурса и оплемењивања, обезбјеђујући „кориснији“ облик диверзитета дивљих сродника за директно укључивање у оплемењивање (Sharma et al. 2013). Овај концепт односи се на примјену егзотичне гермплазме или дивљих сродника биљака, у циљу стварања *pool*-а који ће посједовати гене од интереса за поправку одређених својстава култивара. При том, могућа су два приступа: *бирати прво* – гдје се врши избор дивљих биљака на основу фенотипских и генотипских података за одређену особину, а затим се врши евалуација потомства укрштања; *укрштати прво* – после укрштања домаћег и дивљег материјала, ради се оцјена успјешности интрогресије циљног својства у домаћи материјал и избор потомства (Dempewolf et al. 2014). Код првог приступа, потребно је још неколико додатних укрштања и/или повратних укрштања, док је код другог приступа лакше уочити присуство одређеног својства у укрштањима, после чега је потребно урадити још пар повратних укрштања (Најџар and Hodgkin 2007). Недостатак овог приступа је присуство непожељних особина, као што су низак принос, полијегање, осјетљивост на болести и штеточине (Saladini et al. 2002). Без обзира на потешкоће у инкорпорацији пожељних својстава, научници су сагласни да су

дивљи сродници биљака од непроцењивог значаја за оплемењивање. Потенцијална употреба дивљих сродника класификована је у 7 класа: биотички стрес, абиотички стрес, агрономске особине, фертилност, морфолошке и фенолошке особине и својства квалитета (<http://www.cwrdiversity.org/checklist/>).

Примјена нових технологија и молекуларних метода може повећати употребу и успјешност интрогресије одређених својстава из дивљих сродника у модерне култиваре у циљу њихове поправке. Бројни су примјери: код дивљег пасуља идентификовани су *QTL*-ови повезани са величином сјемења и приносом (Wright and Kelly 2011), као и код бројних гајених биљака у морфолошким анализама и својствима повезаним са одговором на сушу (Nikolić et al. 2012; Nikolić et al. 2013; Solis et al. 2018). Примјена геномике, мапирања и секвенцирања обавља се на бројним гајеним биљкама, али и на неким њиховим дивљим сродницима (Kilian and Graner 2012; Assenov et al. 2013; Bayer et al. 2017).

Нове методе омогућавају брзи скрининг великог броја дивљих сродника биљака, а уз циљано ре-секвенцирање могуће је фокусирати се на одређени ген према потребама оплемењивача, као што су успјешно идентификовани гени повезани са одговором на стрес (www.generationcsp.org).

3.3. Дивљи сродници гајених биљака и климатске промјене

Према предвиђањима Међувладиног панела за климатске промјене (*Intergovernmental Panel on Climate Change*, IPCC), до краја XXI вијека повећање температуре ће износити 0,3–5,4 °C, у односу на период 1986–2005. (<http://www.ipcc.ch/report/ar5/wg1/>). Климатске промјене обухватају топљење леда, повећање нивоа мора, промјену количине и распореда падавина, проширивање пустиња и различито се испољавају на копну и воденим површинама (Zeng and Yoon 2009). Такође је повећана учесталост изненадних и краткотрајних појава, као што су топлотни таласи, суша, обилне кише и снијег, поплаве, повећање присуства болести и штеточина, те киселости океана (ESA 2014). Све те промјене утичу на смањење приноса и обрадивих површина, чиме угрожавају сигурност у производњи и довољној обезбјеђености хране (Clark 2016). Процјењује се да ће до краја XXI вијека смањење приноса поврћа и легуминоза износити око 35% (Scheelbeek et al. 2018), а кукуруза чак и до 50% (Tigchelaar et al. 2018).

За разлику од гајених биљака, дивљи сродници посједују ширу генетичку основу, већу толерантност на абиотички и биотички стрес, што омогућава

стабилан принос у различитим климатским условима (Guarino and Lobell 2011). Наиме, дивљи сродници су се развијали у различитим природним екосистемима, прилагођавајући се разноврсним факторима стреса, али нису били изложени сужавању варијабилности усљед доместификације као гајене биљке (Vollbrecht and Sigmon 2005).

Повећање толерантности гајених биљака према стресним факторима спољашње средине интрогресијом и трансфером одговорних гена и нове генетичке варијабилности из гермлазме дивљих сродника, веома је значајна активност у циљу обезбјеђивања стабилне и повећане производње хране (Xie and Nevo 2008). Дивљи сродници и њихова варијабилност значајни су и за проучавање механизма толерантности и резистентности коју они посједују, као и за идентификацију нових супериорних алела који нису присутни у елитној гермплазми (Jovović et al. 2020).

Умјерене климатске промјене током XX вијека су већ утицале на распрострањеност, број, пораст и развој великог броја биљака. Неке од њих премјестиле су се ка половима или већим надморским висинама или су ранијом сјетвом избјегавале сушу у вријеме репродуктивне фазе, најосјетљивије и најкритичније за коначан принос (Root et al. 2003; Parmesan 2006). Међутим, код значајног броја биљака глобално загријавање је довело до смањења броја и распрострањености, са опасношћу од потпуног губитка и нестанка (Thomas et al. 2004). То је указало на још већу потребу и значај очувања дивљих сродника, њихову конзервацију, одређивање заштићених подручја и организовану активност за очување угрожених врста на националном и свјетском нивоу.

Због свега наведеног, све је присутније и распрострањеније мишљење да се висок принос и квалитет гајених биљака у условима стреса спољашње средине, не могу остварити без коришћења егзотичне гермплазме и дивљих сродника, као њихових извора, у програмима оплемењивања.

3.3.1. Абиотички стрес

Пољопривредна производња и климатске промјене налазе се у веома комплексној међузависности. Одговор биљке на услове средине одређен је генетичким чиниоцима и интеракцијом генотипа и спољашње средине (Jovović et al. 2012).

Промјене абиотичких фактора различито утичу на раст и продуктивност биљака. У пољопривредној производњи ослобађа се велика количина CO₂,

што доприноси повећаном расту биљака и самог приноса, али истовремено са промјенама других климатских фактора (топлотни таласи, суша), може негативно утицати на потенцијал за принос. Повећање температуре изнад оптималне, смањује количину приступачне воде и хранива, негативно утиче на садржај протеина, витамина и минерала, и, у крајњој инстанци, самог приноса. Све те промјене утичу и на смањење садржаја неких минерала (гвожђе, цинк, калцијум, магнезијум, бакар, сумпор, фосфор и азот), као и витамина Б. Температуре изнад оптимума могу оштетити и смањити принос биљака које се данас гаје. Примјери су бројни: високе температуре током љета у 2010. и 2012. утицале су на смањење приноса кукуруза; блага зима у 2012. изазвала је превремено цвјетање вишања, што је довело до штете од 200.000\$ у држави Мичиген (USGCRP 2014); у Аустралији је, као посљедица суше, смањење приноса код пшенице, јечма и уљане репице било за више од 40% (Brown and Funk 2008; Lobell et al. 2008). Повећање температуре и смањење падавина доводе до стварања сувих земљишта, што утиче на смањење пољопривредне производње у подручјима гдје није могуће примијенити наводњавање, а то чини већи дио обрадивих површина широм свијета. У тим подручјима, најчешће долази и до заслањености обрадивих земљишта, што додатно утиче на смањење приноса (Jordanovska et al. 2020).

Промјена распореда и распрострањености вегетације очекује се и даље у будућности, али нема модела који предвиђају какве ће се промјене дешавати у мањим, локалним подручјима, као што су промјена структуре и састава земљишта, што са своје стране спречава остваривање максималних приноса гајених биљака.

Стварање нових култивара за услове промијењене климе, захтијева нове гене и њихове нове изворе. Један од извора су традиционалне, локално адаптиране сорте и популације (Vančetović et al. 2010; Mladenović Drinić et al. 2011), али један број научника сматра да су ти извори, за одређене биљне врсте већ искоришћени и да се нови извори гена за својства од интереса морају тражити у дивљим сродницима гајених биљака (Breithaupt 2008). Зато је од изузетног значаја конзервација и очување дивљих сродника гајених биљака, посебно што су и они сад изложени утицајима абиотичких фактора средине, који умањују њихову заступљеност и могу довести до нестанка, као што су: климатске промјене, смањење и промјена намјене обрадивих површина, урбанизација, загађење вода, земљишта и ваздуха.

Међутим, неке дивље врсте, као што су ароматичне и љековите биљке, које расту локално, могу бити под великим ризиком од нестајања, уколико морају да се премјесте на друга станишта (Neuwood 2011). Бројни су примјери да нови распоред биљака, изазван промјенама у температури и

падавинама, може негативно утицати на њихов опстанак због излагања спољашњим условима који нису оптимални, као и због неравноправне конкуренције са другим биљкама на новим стаништима (Cavaliere 2009). Глобално загријавање и отапање леда доводи до повећања нивоа мора, што угрожава опстанак биљних врста у садашњим приобалним подручјима, као што се дешава са биљком *Vigna marina*, типичном за приобално подручје Африке (Padulosi et al. 2011). Предвиђање дистрибуције биоклиматским моделима, урађено је у Мексику за осам врста из фамилије *Cucurbitaceae*: *Cucurbita argyrosperma* subsp. *sororia*, *Cucurbita lundelliana*, *Cucurbita pepo* subsp. *fraterna*, *Cucurbita okeechobeensis* subsp. *martinezii*, *Sechium chinantense*, *Sechium compositum*, *Sechium edule* subsp. *sylvestre* и *Sechium hintonii*. Већина је показала отпорност на најважније болести, али је распрострањеност била ограничена на одређене области. У случају озбиљнијих климатских промјена, ове биљне врсте би се из садашњих 69 заштићених области, задржале у само 29, а опстанак већине испитиваних врста био би доведен у питање (Lira et al. 2009).

Прецизне процјене угрожености дивљих сродника у сценарију климатских промјена, тешко је урадити, с обзиром на то да врсте које сад нису у опасности, могу то постати у будућности, јер критеријуми за сврставање угрожених врста на Црвену листу, нису обухватили и опасност за њихов опстанак услед глобалног загријавања.

Дивљи сродници све више добијају на значају и постају неопходан чинилац за стабилну производњу хране и одрживу пољопривреду у будућности, у склопу глобалних климатских промјена. Они су повезани са социоекономски значајним гајеним биљкама, као драгоцјен извор варијабилности и пожељних гена за повећање толерантности према суши, ниским температурама и повећаном салинитету земљишта (Jordanovska et al. 2020). Дивљи сродници су значајни и као извор отпорности на биотички стрес, с обзиром на то да ће под утицајем глобалног загријавања доћи до премјештања биљних патогена из једних у друге области, али и до појаве нових врста, које данас и не постоје (Garrett et al. 2006).

3.3.2. Биотички стрес

Заједнички живот биљака са штетним организмима (бактерије, гљиве, оомицете, вируси, нематодe и инсекти), довео је до успостављања одбрамбених механизма код биљака којима се штите од напада патогена. Отпорност према патогенима и продукција њиховог метаболизма омогућавала је спречавање напада и ширење патогена, и нормално

обављање физиолошких процеса у биљци. Насупрот отпорности биљака, налази се осјетљивост, док се између ова два екстрема налази читав низ прелазних стања. Толерантне биљке су посебна група, код којих се испољавају симптоми обољења, као код осјетљивих, али остварују принос на нивоу отпорних биљака. Код вирусних инфекција, толерантне биљке имају видљиве симптоме инфекције. Реакције биљке на напад патогена могу се подијелити на: пасивне (прије инфекције) и активне (Takken and Joosten 2000).

Смањење приноса услед дјеловања биотичких фактора износи око 42% на свјетском нивоу, од чега 15% припада инсектима, 13% коровима и 13% осталим патогенима. Зато је проучавање механизма отпорности на патогене у циљу остваривања стабилних приноса у пољопривреди, један од значајних дугорочних циљева у оплемењивању.

Прве резистентне биљке створене су прије 100 година код пшенице, класичном идентификацијом отпорних генотипова, јер се тада није знало много о механизмима дјеловања резистентних гена (Haverkort et al. 2008). Крајем XX вијека, за интродукцију гена резистентности почеле су да се користе методе генетичког инжињеринга, а неки од унијетих гена резистентности били су поријеклом од дивљих сродника биљака (Dangl et al. 2013). Такав начин омогућава скраћење поступка оплемењивања на повећану отпорност и до 15 година. Међутим, уношењем појединачних гена, резистентност се може изгубити после неког времена – примјер код *Brassica Rlm1* (Sprague et al. 2006), за чије превазилажење су препоручена два приступа (Jo et al. 2014).

Посљедњих година, доста је активности усмјерено ка повећању отпорности према инсектима, гдје се у класичном оплемењивању користе три приступа:

- метод морфолошке баријере за инсекте,
- метод уношења супстанци које одбијају инсекте,
- метод уношења супстанци које су токсичне (Åhman 2009).

До сада је највећи број резистентних хибрида и сората створен класичним методама, коришћењем различитих извора. Посљедњих деценија, све више се користе ефикасније методе директног уношења гена за отпорност у биљку. Тако је из соја бактерије *Bacillus thuringiensis* изолован ген (*Bt*) који одређује синтезу протеина са инсектицидним дјеловањем. Трансфер *Bt* гена из бактерије у биљку смањио је штете услед напада инсекта (Јањић и Малица 2015). Предност овог метода је што нема остатака инсектицида у земљишту, ни штетног дјеловања на корисне инсекте. Недостаци су што

бактеријски ген може да се синтетише у недовољној количини, а временом може доћи и до појаве резистентности инсеката (Agaïsse and Lereclus 1995).

3.3.3. Примјери употребе дивљих сродника

Проучавањем гермлазме и различитих оплемењивачких програма, дошло се до генералног закључка да гајене биљке имају нижу толерантност на абиотичке и биотичке стресове, у поређењу са дивљим сродницима. Током XX вијека, започета је интензивнија употреба дивљих сродника као извора пожељних својстава за потребе оплемењивања и стварања нових генотипова (Prescott-Allen and Prescott-Allen 1986). Пракса је показала да је коришћење дивљих сродника много ефикасније у оплемењивању у циљу побољшања отпорности на болести и штеточине, јер се те особине налазе под контролом мањег броја гена.

Пиринач је веома значајна житарица, са успјешним примјерима интрогресије дивљих сродника примјеном молекуларних метода. Род *Oryza* има 24 врсте, од којих су двије гајене (*O. sativa* и *O. glaberrima*). Дивље врсте пиринча богат су извор гена за толерантност према абиотичким и биотичким стресовима. Најопаснија штеточина пиринча, скакавац, (*Nilaparvata lugens* Stål), доводи до значајног смањења приноса, али је и преносилац болести које изазивају вируси. До сада је идентификовано око 30 резистентних (*Bph*) гена, од којих је већи број из дивљих сродника пиринча, а четири гена су клонирана и успјешно унијета у елитне линије (Fujita et al. 2013; Sarao et al. 2016). Пјегавост пиринча је економски најзначајнија болест, коју изазивају гљиве, и која напада и друге врсте из фамилије *Poaceae*, али је примарни домаћин пиринач. До сада је идентификовано око 100 резистентних гена, од којих је 4% нађено у дивљим сродницима, међу којима су били *O. minuta*, *O. australiensis*, *Oryza rufipogon* и *O. rhizomatis* (Wang et al. 2014). Уношењем резистентних гена у осјетљиве линије повећала се њихова отпорност. Међутим, последице 3–5 година, појавиле су се нове расе пјегавости пиринча, на које је смањена отпорност. Стога се препоручује стварање варијетета који имају већи број резистентних гена за шири спектар изазивача болести (Sharma et al. 2012). Повећање температуре у склопу климатских промјена, значајно ће утицати на цвјетање, опрашивање и сам принос зрна. Дивљи пиринач (*Oryza officinalis*) успјешно је искоришћен за помјерање времена цвјетања код култивара Koshihikari (*Oryza sativa*) (Ishimaru et al. 2010). Као извор толерантности према суши, иако нископриносна, идентификована је *Oryza glaberrima*, а извор гена за висину биљке пронађен је у дивљим сродницима пиринча

Oryza barthii, *Oryza australiensis* и *Oryza meridionalis*. Ове дивље врсте значајни су извори толерантности према суши и високим температурама (Sanchez et al. 2013).

Пшеница је најзначајније стрно жито за људску исхрану у већем дијелу свијета. Због тога је биофортификација пшенице, којом се желе поправити нутритивна својства зрна, новим молекуларним методама, све актуелнија. Дивља двореда пшеница (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) је предак гајене пшенице која је компатибилна са тетраплоидном дурум пшеницом и може се укрштати са хексаплоидном хљебном пшеницом. Због тога је ова врста пшенице веома значајна као извор за поправку бројних економски значајних особина, као што су садржај протеина и микронутриената у зрну (Peleg et al. 2008).

Кукуруз (*Zea mais* L.) је једно од најважнијих жита за исхрану људи, животиња и производњу био-горива. *Teosinte* (*Z. mais* ssp. *parviglumis* Ilitis & Doeblei) и *Tripsacum* су дивљи сродници кукуруза који су значајни извори пожељних гена за економски значајне особине кукуруза, као што су толерантност на инсекте, болести, корове, абиотичке стресове. *Teosinte* је показала значајну резистентност према неким болестима (Chavan and Smith 2014). Потомства укрштања кукуруз x *Z. diploperennis* садржала су локусе резистентности на неке болести чији су изазивачи биле гљиве, као и *Z. mays* ssp. *mexicana* (Maazou et al. 2017). Због морфолошке сличности, сматра се да је *Tripsacum* близак сродник рода *Zea*, а код врсте *Tripsacum dactyloides* утврђена је повећана толерантност према суши (Eubanks 2006). Генерално, врсте *Teosinte* и *Tripsacum* мање се користе у оплемењивању, највјероватније због огромног богатства и диверзитета заступљеног у популацијама и локалним сортама кукуруза.

Кромпир напада много болести и штеточина, међу којима је најопаснија пламењача кромпира, коју изазива оомицета *Phytophthora infestans*. Висок ниво резистентности на ову болест утврђен је код дивљег сродника кромпира *S. bulbocastanum* Dunal subsp. *bulbocastanum*. Трансгене линије кромпира, које су садржале ген резистентности из овог извора, показале су значајну резистентност на пламењачу (Colton et al. 2006).

3.4. Угроженост дивљих сродника гајених биљака

Послије Зелене револуције, новостворени култивари били су прихваћени од стране фармера, тако да су веома брзо замијенили генетички разноврсне традиционалне популације и сорте које су ту успијевале вијековима. Губитак драгоцјеног диверзитета старих сората и варијетета ипак је заустављен

формирањем банака гена, са главним задатком да очувају генетичке ресурсе правилним поступцима конзервације, умножавања и одржавања. Међутим, на самом почетку формирања банака гена и колекција гермплазме, дивљим сродницима биљака није дат адекватан значај.

Главни фактори који утичу на смањење диверзитета дивљих сродника су: климатске промјене, промјене у коришћењу земљишта, таложење азота, појава и ширење инвазивних врста (Jovović et al. 2020). Међутим, неће ни сви дивљи сродници бити угрожени у истој мјери, већ ће различите групе у различитим подручјима имати и другачије посљедице. Различита осјетљивост дивљих сродника приказана је кроз примјере дивљег кикирикија у Јужној Америци, дивљег сточног грашка у Африци и дивљег кромпира у Централној и Јужној Америци, за које се процјењује да ће изгубити око половине географских подручја на којима су сада распрострањене, а да ће 16–22% ових врста у потпуности нестати (Jarvis et al. 2008). И између ових врста, утврђене су разлике: највеће штете имаће врсте *Arachis* код којих је, од укупно 50, могућ нестанак 24–31 врсте, док ће код преосталих врста смањење износити 85–94%. У другом истраживању процјењује се да ће више од 50% сточног грашка нестати као посљедица климатских промјена до 2050. (Anonymous 2007).

Велики напредак у евиденцији дивљих сродника, у циљу планске и систематске конзервације, урађен је у Европи и у области Медитерана (Kell et al. 2008). На основу тога, може се урадити скрининг дивљих сродника као извора пожељних гена за будуће потребе, а уз то и идентификација најугроженијих врста које је потребно хитно конзервирати и заштитити (Maxted et al. 2008). Европска унија је објавила каталог од 25.687 биљних врста и дивљих сродника који постоје на подручју Европе и Медитерана, при чему се 80% флоре користи директно или потенцијално за људску употребу (www.pgrforum.org).

У европском каталогу узорака различитих биљних врста у банкама гена- EURISCO (http://eurisco.ecpgr.org/home_page/home.php), дивљи сродници гајених биљака заступљени су са свега 5,6% од укупне гермплазме која се чува у *ex situ* колекцијама у Европи (Maxted and Kell 2009). У каталогу се налази 24.448 узорака 1.095 врста од 462 рода дивљих сродника, у односу на укупан број од 436.436 узорака. Од укупног броја дивљих сродника идентификованих у Европи (17.495), 94% није колекционисано и конзервирано у банкама гена.

Слична је ситуација и са дивљим сродницима у свијету: дивљи сродници родова *Triticum* и *Aegilops* веома су мало заступљени у банкама гена, док је

код дивљих сродника пиринча та заступљеност само 10%; национална колекција соје у Кини највећа је колекција дивље соје (*Glycine soja*) у свијету, са преко 6.000 узорака, али су врло мало заступљени остали дивљи сродници или их уопште нема (Zhao et al. 2005). Израелска банка гена издвојила је, као приоритетне, 323 биљне врсте за *ex situ* конзервацију, укључујући и дивље сроднике (Barazani et al. 2008).

С обзиром на огроман значај дивљих сродника за будућност човјечанства, неопходно је повећати активности за њихово чување, нарочито у центрима поријекла, да би се њихова конзервација, умножавање и очување радило и организовало на што сигурнији начин. С обзиром на то да свака држава располаже генетичким ресурсима на својој територији, неопходно је појачати те активности на националном нивоу. Израда одговарајућих стратегија за очување свих генетичких ресурса, а посебно дивљих сродника којима пријети опасност од нестанка, у *in situ* и *ex situ* колекцијама је од приоритетног значаја за глобалну пољопривредну производњу.

3.4.1. Конзервација дивљих сродника гајених биљака

Дивљи сродници гајених биљака још увијек су недовољно искоришћени и потцијењени ресурси у оплемењивању и производњи хране, али потенцијална будућа употреба подразумијева одговарајућу и планирану конзервацију. Према најновијим истраживањима, у природи се налази око 50.000–60.000 дивљих сродника гајених биљака, од којих се око 11.000 користи у пољопривредној производњи (Maxted and Kell 2009). Од тог броја, око 700 је од посебног значаја за исхрану људи и зато је од великог значаја да се организовано ради на спречавању њиховог нестанка. Иако су широко распрострањени у природи, на свим континентима осим Антарктика, дивљи сродници мало су заступљени у колекцијама банака гена (Jovović et al. 2020).

Из свјетских банака биљних гена, нестало је око 29% врста дивљих сродника гајених биљака, а 24% има мање од 10 узорака. Да би се побољшала њихова заступљеност у банкама гена, код преко 70% врста постоји хитна потреба за даљим сакупљањем и очувањем, док 95% врста није заступљено репрезентативним узорцима у погледу њихове географске и еколошке разноврсности у природним центрима поријекла (Maxted and Kell 2009).

Иако дивљи сродници представљају значајан извор генетичке варијабилности, која се може користити у оплемењивању као извор гена за својства од интереса, велики број изложен је ризику од нестајања. Очување

дивљих сродника гајених биљака наглашено је као приоритетни циљ у бројним међународним документима и организацијама, због опасности од нестајања и могућој употреби у будућности.

Дивљи сродници, блиско повезани са одређеним гајеним биљкама, могли би бити од веће важности ако се користе као извор пожељних особина у конвенционалном оплемењивању, од удаљенијих биљних врста. Међутим, неке удаљеније биљне врсте нису до сада коришћене као извор гена у оплемењивању, али би у будућности могле бити донори и зато их треба очувати. Због тога, дугорочно посматрано, конзервирање дивљих сродника биљака треба обухватити и широко распрострањене и ријетке биљке, ради њиховог потенцијалног коришћења за потребе оплемењивања (Maxed and Kell 2009).

Стратегије за конзервацију дивљих сродника су: *ex situ* (банке гена, култура ткива, криопрезервација, колекције биљака у пољу) и *in situ* (природна станишта којима се плански управља). Раније се *in situ* метод сматрао адекватнијим од *ex situ* конзервације. *In situ* стратегија сматрана је свеобухватнијим процесом конзервације за очување у природним стаништима, који није могућ у *ex situ* условима. Систематска конзервација дивљих сродника обухвата стратегије на националном и регионалном (европском) нивоу.

In situ конзервација укључује утврђивање, управљање и праћење биолошке разноликости на истом подручју гдје су биљке пронађене. Стратегија је најбоље објашњена у односу на *ex situ*: методе конзервације *ex situ* примјењују се ван природног станишта биљке. Према Heywood and Dulloo (2005), методе *in situ* конзервације могу се примијенити усмјерене на врсту или на цио екосистем. Заједнички циљ оба приступа је омогућавање очувања биолошке разноликости у природном станишту, тј. омогућавање саморепродукције и самоодржања врста. Ово обухвата очување свих компоненти у еколошком систему у којима су биљке развиле одређене особине. То би могло бити природно станиште или подручје на које је човјек знатно утицао, као што су оранице за пољопривредне гајене биљке. Стога очување пољопривредне биолошке разноликости укључује и очување агроекосистема, заједно са традиционалним пољопривредним праксама (Myers et al. 2000). Основа *in situ* конзервације је заштићено подручје (*protected area*, PA), које је неопходно за одржавање одређеног таксона у његовим природним стаништима и за очување осталих природних или полуприродних екосистема. Међутим, данас је све већи значај *in situ* конзервације ван заштићених подручја због различитих социо-економских и политичких разлога (Rodrigues et al. 2004). Заштићена подручја коришћена

су за очување одређених врста и њихових природних станишта за будуће потребе, као и за спречавање даље деградације и потпуног нестанка. Тренутно постоји око 200.000 заштићених подручја у 245 земаља и територија широм свијета, а они се чувају у Свјетској бази података о заштићеним областима.

Ex situ стратегија представља конзервацију биолошког диверзитета ван природних станишта, као мјера за заштиту угрожених врста и спречавање њиховог губитка. Ex situ конзервација је добро допунско рјешење, али није довољно за одржавање и очување диверзитета дивљих сродника биљака. Заштићена подручја са дивљим сродницима гајених биљака широм свијета намијењена су конзервацији и природних станишта и популација у in situ условима, уз одговарајући мониторинг и управљање (Engels et al. 2006).

Велика варијабилност дивљих сродника, њихових природних станишта, употребе, опасности од нестанка, као и приоритети очувања, доводе до тога да не постоји општи или јединствени протокол или општи приступ очувању дивљих биљака.

In situ конзервација обухвата очување генетичких ресурса у природи. Данас постоји неколико in situ конзервисаних дивљих сродника:

- *Beta patula* на Мадеири, Португал
- *Triticum species* у Амиаду, Израел
- *Aegilops* врсте у југоисточној Турској
- *Zea perennis* у Сиера де Манантлан у Мексику
- *Citrus, Oryza* и *Alocasia* врсте у Вијетнаму
- *Solanum* врсте у Перуу
- Врсте кафе у Етиопији.

Према Kell et al. (2012), 16% изворних европских дивљих сродника је угрожено, а 4% критично угрожено. Процијењени број дивљих сродника у земљама Европске уније је 17.495, а половина од тог броја су ендемске врсте.

Као што у Интегрисаном систему европских банака гена (*A European Genebank Integrated System, AEGIS*, <http://www.ecpgr.cgiar.org/aegis/aegis-homepage/>) ex situ колекције номинују јединствене и значајне узорке, као најпогодније (*Most Appropriate Accession, MAA*), in situ конзервација предложила је увођење најпогоднијих дивљих популација (*Most Appropriate Wild Populations, MAWP*).

У европском каталогу дивљих сродника, најпогоднији (MAWP) ће бити ако испуњава наведене критеријуме:

- популација је аутохтона или је на том подручју расла више од десет генерација,
- популација посједује одређен генетички диверзитет или особине од интереса,
- популација се мора одржавати у складу са дугорочним стандардима *in situ* заштите (Iriondo et al. 2012),
- популација није посебно угрожена дугорочно (100 година), а опасности од нестанка су безначајне и могу се контролисати,
- номинација потенцијалних најпогоднијих дивљих популација мора се обавити преко националних агенција, узорци морају бити доступни јавности и укључити се у AEGIS *ex situ* колекције.

Теоретски, најпогодније дивље популације (MAWP) постојале су у заштићеним подручјима, али у пракси су се могле пронаћи и ван њих. У оба случаја, морају се примјенити интегрисане конзервационе стратегије за очување дивљих сродника у Европи, у складу са предложеним упутствима (Maxted et al. 2015):

- **Националне стратегије за конзервацију дивљих сродника** – односе се на сваку европску земљу с националном стратегијом очувања дивљих сродника која обухвата и *in situ* и *ex situ* активности,
- **Регионалне (европске) стратегије за конзервацију дивљих сродника** – обухватају *in situ* конзервирани популације дивљих сродника (MAWP), са дупликатима у *ex situ* колекцијама,
- **Интегрисане стратегије за конзервацију дивљих сродника** – обухватају и националне и регионалне стратегије.

Од велике је важности одредити врсте и подручја са високим приоритетом за конзервирање и примјенити интегрисане стратегије за заштиту генетичког диверзитета дивљих сродника гајених биљака за будућност.

3.5. Нове технике у идентификацији и трансферу својстава из дивљих сродника

Примјена нових молекуларних метода и техника неопходна је за побољшање гајених биљака и за искоришћавање потенцијала њихових дивљих сродника. Неопходно је успоставити координисане активности на националном, регионалном и глобалном нивоу за одређивање приоритетних врста за конзервацију и чување и успостављање резерви извора гена за особине од значаја за људску популацију. Већи ниво генетичке разноликости које дивљи сродници посједују у поређењу са

гајеним биљкама, захтијева максимално искоришћавање нових технологија у откривању нових гена и у огромном постојећем диверзитету и њихово успешно инкорпорисање у нове сорте. Развој нових сорти биће убрзан и примјеном нових техника у геномици за дисекцију пожељних особина у оквиру неискоришћене разноврсности дивљих сродника. Ефикасно очување дивљих сродника, заједно са њиховом одрживом употребом у конвенционалној и молекуларној оплећењању биљака, обезбиједиће сигурност у производњи хране за будуће потребе.

И поред тога што дивљи сродници представљају значајан извор генетичке разноврсности, њихов потенцијал није довољно истражен (Li YH et al. 2014). Дивљи сродници могу повећати адаптивни капацитет пољопривредних система широм свијета, нудећи нове варијације алела које су потребне да се одговори на појаву болести, нове пољопривредне праксе и захтјева тржишта, као и последице промијењених климатских услова. Међутим, процес уношења варијабилности из дивљих врста у култиваре захтијева значајно вријеме, ресурсе и људске капацитете (Dempewolf et al. 2017).

Молекуларни маркери и платформе за генотипизацију могу убрзати дисекцију корисних агрономских својстава која се налазе у дивљим сродницима и пренијети ове особине у елитну гермплазму интрогресијом QTL-ова, селекцијом уз помоћ маркера и другим геномским приступима.

Најновија достигнућа SNP (*Single Nucleotide Polimorphism*) маркера (50K код кукуруза, 50K код соје, 50K код пиринча и 63K код памука) додатно ће помоћи у откривању корисне варијабилности дивљих сродника кроз GWAS (*Genome Wide Association Studies*) и геномску селекцију. Ови методи такође би се могле користити за „позитиван“ избор особина од интереса и „негативан“ одабир геномских сегмената из дивљих сродника, који нису пожељни и имају негативан ефекат у укрштањима и предплећењивачким програмима (Ganal et al. 2011; Singh et al. 2015). Широка доступност нових технологија у секвенцирању створила је могућности за генерисање секвенци цијелих генома за неколико врста гајених биљака и њихових дивљих сродника. Секвенцирани геноми повећавају могућности детаљнијег истраживања економски важних особина дивљих сродника кроз структурне, функционалне и упоредне геномске приступе. Доступност референтних секвенци генома кукуруза (Schnable et al. 2009; Lai et al. 2010), пиринча (Kawahara et al. 2013), соје (Haun et al. 2011), диплоидних предака памука (Li F et al. 2014), гајеног памука (Zhang et al. 2015; Yuan et al. 2015), створили су нове могућности за генерисање таквих информација и код дивљих сродника, у циљу детаљнијег проучавања значајних особина примјеном робусних алата биоинформатике (Sripathi et al. 2016).

Доступност молекуларних маркера увелико ће помоћи повећању ефикасности интрогресије својства од интереса из дивљих сродника кроз предплемењивачке програме. Помоћу различитих модела може се урадити предикција које SNP варијације, са највећом вјероватноћом, могу довести до непожељног фенотипа. На тај начин, оплемењивачи би били у могућности да у раној фази оплемењивања елиминишу генотипове који посједују такве SNP-ове. Оплемењивачи нерадо користе дивље сроднике и због тога што они могу довести до поремећаја пожељних везаних локуса који су створени у процесу оплемењивања.

Коришћењем секвенцирања и генотипизирањем, могуће је добити унакрсне маркере секвенци, које се могу користити за сатурацију генетских мапа оба родитеља (Wambugu et al. 2018). Ови маркери омогућавају да се прати интензитет интрогресије специфичних алела или геномских регија код потомства (McNally et al. 2009). На овај начин, омогућено је успјешно „враћање“ генома рекурентног родитеља и интрогресија само уских сегмената дивље врсте који посједују само жељени ген.

Стварање геномских ресурса, од дивљих сродника најважнијих гајених биљака, омогућило би карактеризацију њиховог геномског садржаја и структуралних варијација да би се разумјела еволуција, али и омогућило поређење дивљих сродника са њиховим гајеним „еквивалентима“ и схватање значаја успостављања пан-генома за биљне врсте. Пан-геном би представљао заједнички сет гена доступних на нивоу врсте, заједно са јединственим сетовима гена који су карактеристични за ниво јединки, укључујући и дивље сроднике. Такве мета-анализе омогућиле би упоређивање генских *pool*-ова у постојећим генским изворима и побољшале наше познавање еволуционе доместификације гајених биљака, генетичке ерозије која се током тог дугог периода дешавала и отворила путеве за обнављање корисних генетичких варијација из дивљих сродника, које су се изгубиле током доместификације (Mammadov et al. 2018). Тако су, на примјер, пан-геномске студије на дивљим сродницима кукуруза расвијетлиле генетичку основу двије особине важне за стање и изглед саме биљке и њену адаптираност: развој биљке у вегетативној фази и прелаз из вегетативне у репродуктивну фазу (Hirsch et al. 2014). Код соје, пан-геномске студије помогле су у идентификовању генских варијанти специфичних за соју, што је омогућило избор на основу резистентности према биотичким факторима, саставу сјемења, времену цвјетања и сазријевања, коначном приносу (Li YH et al. 2014). Искоришћавање нових гена и алела од дивљих сродника кроз пан-геном, показало би се веома значајним код памука за превазилажење смањења приноса, квалитет влакана, биотичку и абиотичку

толеранцију према стресу, проузроковану малом генетичком варијабилношћу код гајених врста памука.

Геномске технологије пружају холистичку перспективу структуре гена, организације и регулације гена, као и њихове улоге у биолошким процесима, а такве информације значајно убрзавају оплемењивање гајених биљака (Huang et al. 2016). Функционалне улоге гена и алела истражују се путем транскрипционих и транслационих геномских студија, како би се идентификовали гени који позитивно утичу на продуктивност гајених биљака. Такви гени били су кандидати за тестирање унакрсне преносивости фенотипа на друге гајене биљке и организме кроз експерименте трансформације. Код памука, једне од најприхваћенијих трансгених врста у свијету, трансформација се показала веома изазовном. Међутим, најновије технологије уређивања генома (*genome editing*) и нове технике оплемењивања биљака, указују да ће бити могућа манипулација генских секвенци у гајеним биљкама. Нуклеазе специфичне за секвенце (*zinc finger nucleases*, ZFNs; *transcription activator-like effector nucleases*, TALENs, *clustered, regularly interspaced short palindromic repeat-associated endonucleases*, CRISPR/Cas), обично се уводе кроз трансформацију и стварају двоструке прекиде на циљни локус због специфичности њихове секвенце, а такође могу додати или избрисати нуклеотиде на том мјесту. Трансгени и остале мутације које нису циљане, могу бити даље уклоњене кроз самооплодњу или повратно укрштање (Huang et al. 2016).

Познавање нових гена, повезаних са значајним особинама код дивљих сродника, може допринијети примјени циљане мутагенезе у генима гајених биљака, како би се унио нови фенотип или варијација за побољшање перформанси гајених биљака. Уношење гена бактеријске лисне пјегавости на наведени начин у генотипове пиринча, довело је до стварања резистентних генотипова (Li et al. 2012; Zhou et al. 2015). Примјена ових технологија за уређивање генома са кандидатима гена који контролишу отпорност на болести, квалитет производа, алергене, мушку фертилност, принос и друге особине, приказана је у раду van de Wiel et al. (2017). Да би се искористиле предности технике „уређивања“ генома у побољшању гајених биљака, осим познавања варијанти гена са великим ефектом који се налазе у дивљим сродницима, неопходан је и развој високоефикасних система трансформације.

Недавно је ДНК бар-код искоришћен за тачну идентификацију биљке (de Vere et al. 2015). Метод ДНК бар-кодирање користи специфичне кратке секвенце ДНК, дуге између 400 и 800 базних парова, које се могу лако изоловати и карактеристичне су за све врсте (Hebert et al. 2003). ДНК бар-

кодови пружају могућност идентификовања познатих биљних врста, као и могућност открића нових, до сада непознатих врста (Cowan et al. 2006). Примарни генски региони (*rbcl*, *matK*, *trnH-psbA* и *ITS*) генерално су усвојени као стандардни ДНК бар-кодови који се могу примијенити код свих биљака (Li et al. 2015).

3.6. Закључак

Глобално загријавање, пораст броја становника и растуће потребе за производњом хране, представљају велики изазов за свјетску пољопривреду у годинама које долазе. Поред тога, различити абиотички и биотички фактори, уз недостатак воде и смањење обрадивог земљишта, доводе до остваривања нижих приноса у бројним регионима широм свијета. Иако је доместификација, током десетина хиљада година, допринијела стварању бројних гајених биљака, она је била усмјерена првенствено ка повећању приноса и бољем квалитету биљака које су се користиле у исхрани. Тако јака селекција резултирала је смањењем генетичке варијабилности. Супротно томе, дивљи сродници су, због раста у њиховом природном хабитусу, били изложени разним изазовима, због чега су супериорнији опстајали и сачували више нивое генетичке разноврсности. Употреба тог неискоришћеног генетичког диверзитета, доступног у дивљим сродницима гајених биљака, једна је од могућности побољшања гајених биљака у процесима оплемењивања. Примјена савремених молекуларних и геномских техника у идентификацији гена од интереса у дивљим сродницима гајених биљака, може убрзати процес стварања супериорних култивара за потребе повећане пољопривредне производње.

Литература

- Agaisse H, Lereclus D (1995) How does *Bacillus thuringiensis* produce so much insecticidal crystal protein? J Bacteriol 177:6027–6032
- Anđelković V, Ristić D, Babić V, Dumanović Z, Kravić N (2016) Maize landraces as a source for adaptation to climate change. Ratar Povrt 53(1):24–29
- Anonymous (2007) The Conservation of Global Crop Genetic Resources in the Face of Climate Change. Summary Statement from a Bellagio Meeting organized by the GlobalConservation Trust, held on September 3–7, 2007. http://www.croptrust.org/documents/WebPDF/Bellagio_final1.pdf

- Assenov B, Anđelković V, Ignjatović-Micić D, Vančetović J, Nikolić A, Christov NK, Tsonev S, Abu-Mhadi N, Vassilev D, Muhovski Y, Ilchovska M, Todorovska E (2013) Identification of SNP Mutations in *MYBE-1* Gene Involved in Drought Stress Tolerance in Maize. *Bulgarian J Agr Sci* 19:181–185
- Åhman I (2009) Breeding for inducible resistance against insects – applied plant breeding aspects. Proceedings Working Group “Induced Resistance in Plants Against Insects and Diseases”, Heraklion, Crete (Greece)
- Babić V, Vančetović J, Prodanović S, Kravić N, Babić M, Anđelković V (2015) Numerical Classification of Western Balkan Drought Tolerant Maize (*Zea mays* L.) Landraces. *J Agri Sci Tech*, 17, 455–468
- Barazani O, Perevolotsky A, Hadas R (2008) A problem of the rich, prioritizing local plant genetic resources for ex situ conservation in Israel. *Biological Conservation* 141:596–600
- Bayer MM, Rapazote-Flores P, Ganal M, Hedley PE, Macaulay M, Plieske J, Ramsay L, Russell J, Shaw PD, Thomas W, Waugh R (2017) Development and Evaluation of a Barley 50k iSelect SNP Array. *Front Plant Sci* 8:1792
- Breithaupt H (2008) Up to the challenge? Rising prices for food and oil could herald a renaissance of plant science. *EMBO Reports* 9:832–834
- Brown ME, Funk CC (2008) Food security under climate change. *Science* 319:580–581
- van de Wiel CCM, Schaart JG, Lotz LAP, Smulders MJM (2017) New traits in crops produced by genome editing techniques based on deletions. *Plant Biotechnol Rep* 11:1–8
- van Heerwaarden J, Doebley J, Briggs WH, Glaubitz JC, Goodman MM, de Jesus Sanchez Gonzalez J, Ross-Ibarra J (2011) Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108:1088–1092
- Vančetović J, Mladenović Drinić S, Babić M, Ignjatović-Micić D, Anđelković V (2010) Maize genebank collections as potentially valuable breeding material. *Genetika* 42(1):9–21
- Vančetović J, Ignjatović-Micić D, Božinović S, Babić M, Filipović M, Grčić N, Anđelković V (2013) Grain quality of drought tolerant accessions within a maize germplasm collection. *Spanish J Agri Res* 12(1):186–194
- Vollbrech E, Sigmund B (2005) Amazing grass: developmental genetics of maize domestication. *Biochemical Society Transactions* 33:1502–1506
- Ganal MW, Durstewitz G, Polley A, Bérard A, Buckler ES, Charcosset A et al. (2011) A large maize (*Zea mays* L.) SNP genotyping array: development and germplasm genotyping, and genetic mapping to compare with the B73 reference genome. *PLoS ONE* 6:e28334

- Garrett KA, Dendy SP, Frank EE, Rouse MN, Travers SE (2006) Climate change effects on plant disease: genomes to ecosystems. *Ann Rev Phytopathology* 44:489–509
- Guarino L, Lobell DB (2011) A walk on the wild side. *Nature Climate Change* 1:374–375
- Dangl JL, and Jones JD (2013) Plant pathogens and integrated defence responses to infection. *Nature* 411:826–833
- Dempewolf H, Eastwood RJ, Guarino L, Khoury CK, Muller JV and Toll J (2014) Adapting agriculture to climate change: A global initiative to collect, conserve, and use crop wild relatives. *Agroecology and Sustainable Food Systems* 38:369–377
- Dempewolf H, Baute G, Anderson J, Kilian B, Smit C, Guarino L (2017) Past and future use of wild relatives in crop breeding. *Crop Sci* 57:1070–1082
- De Vere N, Rich TC, Trinder SA, Long C (2015) DNA barcoding for plants. *Methods in Molecular Biology* 1245:101–118
- Diamond J (2002) Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature* 418:700–707
- Engels JMM, Ebert AW, Thormann I, de Vicente MC (2006) Centres of Crop Diversity and/or Origin, Genetically Modified Crops and Implications for Plant Genetic Resources Conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:1675–1688
- Eubanks WM (2006) A genetic bridge to utilize *Tripsacum* germplasm in maize improvement. *Maydica* 51:315–327
- European Search Catalogue for Plant Genetic Resources (EURISCO) (http://eurisco.ecpgr.org/home_page/home.php)
- ESA (2014) ESA report. www.seedworld.com
- Zeng N, Yoon J (2009) Expansion of the world's deserts due to vegetation-albedo feedback under global warming. *Geoph Res Lett* 36(17):L17401
- Zohary D, Hopf M, Weiss E (2012) Domestication of Plants in the Old World: The Origin and Spread of Domesticated Plants in Southwest Asia, Europe, and The Mediterranean Basin. Oxford: Oxford University Press on Demand
- Zhang T, Hu Y, Jiang W, Fang L, Guan X, Chen J, et al. (2015) Sequencing of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. acc. TM-1) provides a resource for fiber improvement. *Nat Biotechnol* 33:531–537
- Zhao L, Dong Y, Liu B, Hao S, Wang K, Li X (2005) Establishment of a core collection for the Chinese annual wild soybean (*Glycine soja*). *Chinese Science Bulletin* 50:989–996
- Zhou Z, Jiang Y, Wang Z, Gou Z, Lyu J, Li W, et al. (2015) Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. *Nat Biotechnol* 33:408–414

- Iriondo JM, Maxted N, Kell SP, Ford-Lloyd BV, Lara-Romero C, Labokas J, Magos Brehm J (2012) Quality standards for genetic reserve conservation of crop wild relatives. In: Maxted N, Dulloo ME, Ford-Lloyd BV, Frese L, Iriondo JM, Pinheiro de Carvalho MAA (eds) *Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces*. CAB International, Wallingford, UK, pp 72–77
- Ishimaru T, Hirabayashi H, Ida M, Takai T, San-Oh YA, Yoshinaga S, Ando I, Ogawa T, Kondo M (2010) A genetic resource for early-morning flowering trait of wild rice *Oryza officinalis* to mitigate high temperature-induced spikelet sterility at anthesis. *Ann Bot* 106(3):515–20
- Јањић В, Малица Г (2015) Генетички модификоване биљке отпорне на хербициде. Зборник радова Генетички модификована организми, чињенице и изазови. Српска академија наука и умјетности, Београд, стр 67–78
- Jarvis A, Lane A, Hijmans RJ (2008) The effect of climate change on crop wild relatives. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 26:13–23
- Jovović Z, Dolijanović Z, Kovačević D, Velimirović A, Biberdžić M (2012) The productive traits of different potato genotypes in mountainous region of Montenegro. *Genetika* 44(2):389–397
- Jovović Z, Stesevic D, Meglič V, Dolnicar P (2013) Old potato varieties in Montenegro. Monograph, University of Montenegro, Biotechnical faculty Podgorica
- Jovović Z, Kratovalieva S (2016) Global Strategies for Sustainable Use of Agricultural Genetic and Indigenous Traditional Knowledge. In: Salgotra, RK, Gupta BB (eds) *Plant Genetic Resources and Traditional Knowledge for Food Security*. Springer, pp 39–72
- Jovović Z, Anđelković V, Pržulj N, Mandić D (2020) Untapped Genetic Diversity of Wild Relatives for Crop Improvement. In: Salgotra RK, Zargar SM (eds) *Rediscovery of Genetic and Genomic Resources for Future Food Security*, Springer, pp 25–65
- Jo K-R, Kim C-J, Kim S-J, et al. (2014) Development of late blight resistant potatoes by cisgene stacking. *BMC Biotechnol* 14:50
- Jordanovska S, Jovović Z, Anđelković V (2020) Potential of Wild Species in the Scenario of Climate Change. In: Salgotra RK, Zargar SM (eds) *Rediscovery of Genetic and Genomic Resources for Future Food Security*. Springer, pp 263-301
- Kaplan I, Dively GP, Denno RF (2009) The costs of antiherbivore defense traits in agricultural crop plants: a case study involving leafhoppers and trichomes. *Ecol Appl* 19:864–872

- Kawahara Y, de la Bastide M, Hamilton JP, Kanamori H, McCombie WR, Ouyang S, et al. (2013). Improvement of the *Oryza sativa* Nipponbare reference genome using next generation sequence and optical map data. *Rice* 6:4
- Kell SP, Knupffer H, Jury SL, Ford-Lloyd BV, Maxted N (2008) Crops and wild relatives of the Euro-Mediterranean region: making and using a conservation catalogue. In: Maxted N, Ford-Lloyd BV, Kell SP, Iriondo J, Dulloo E, Turok J (eds) *Crop Wild Relative Conservation and Use* pp 69–109. CAB International, Wallingford, UK
- Kell SP, Maxted N, Frese L, Iriondo JM (2012) In situ conservation of crop wild relatives: a strategy for identifying priority genetic reserve sites. In: Maxted N, Dulloo ME, Ford-Lloyd BV, Frese L, Iriondo JM, de Carvalho MAA (eds) *Agrobiodiversity conservation: securing the diversity of crop wild relatives and landraces*. CAB International, Wallingford, UK, pp 7–19
- Kilian B, Graner A (2012) NGS technologies for analyzing germplasm diversity in genebanks. *Briefings Funct Genomics* 11:38–50
- Lai J, Li R, Xu X, Jin W, Xu M, Zhao H, et al. (2010) Genome-wide patterns of genetic variation among elite maize inbred lines. *Nat Genet* 42:1027–1030
- Li T, Liu B, Spalding MH, Weeks DP, Yang B (2012) High-efficiency TALEN-based gene editing produces disease-resistant rice. *Nat Biotechnol* 30:390–392
- Li F, Fan G, Wang K, Sun F, Yuan Y, Song G, et al. (2014) Genome sequence of the cultivated cotton *Gossypium arboreum*. *Nat Genet* 46:567–572
- Li YH, Zhou G, Ma J, Jiang W, Jin L, Zhang Z, et al. (2014) De novo assembly of soybean wild relatives for pan-genome analysis of diversity and agronomic traits. *Nat Biotechnol* 32:1045–1052
- Li XW, Yang Y, Hentry RJ, Rossetto M, Wang Y, Chen S (2015) Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society* 90:157–166
- Lira R, Téllez O, Dávila P (2009) The effects of climate change on the geographic distribution of Mexican wild relatives of domesticated Cucurbitaceae. *Gen Res Crop Evol* 56(5):691–703
- Lobell DB, Burke MB, Tebaldi C, Mastrandrea MD, Falcon WP, Naylor RL (2008) Prioritizing climate change adaptation needs for food security in 2030. *Science* 319:607–610
- Maazou R, Rabiou H, Issiak Y, Abdou L, Sani IS, Mahamane A (2017) Influence de l'occupation des terres sur la dynamique des communautés végétales en zone Sahélienne: cas de la commune rurale de Dantchandou (Niger). *African Journal Online* 11(1) DOI: 10.4314/ijbcs.v11i1.7
- Mammadov J, Buyyarapu R, Guttikonda SK, Parliament K, Abdurakhmonov IY, Kumpatla SP (2018) Wild Relatives of Maize, Rice, Cotton, and Soybean:

- Treasure Troves for Tolerance to Biotic and Abiotic Stresses. *Front Plant Sci* 9:886
- Maxted N, Dulloo E, Ford-Lloyd BV, Iriondo J, Jarvis A (2008) Genetic gap analysis: A tool for more effective genetic conservation assessment. *Diversity and Distributions* 14:1018–1030
- Maxted N, Kell SP (2009) Establishment of a global network for the in situ conservation of crop wild relatives: Status and needs. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization of the United Nations Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture. Background study paper no. 39
- Maxted N, Avagyan A, Frese L, Iriondo JM, Magos Brehm J, Singer A, Kell SP (2015) ECPGR Concept for in situ conservation of crop wild relatives in Europe. Wild Species Conservation in Genetic Reserves Working Group, European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources, Rome, Italy
- Mladenov N, Pržulj N, Hristov N, Đurić V, Milovanović M (2001) Cultivar-by-Environment Interactions for Wheat Quality Traits in Semiarid Conditions. *Cereal Chemistry* 78:363–367
- Mladenović Drinić S, Anđelković V, Ignjatović-Micić D (2011) Genetic Diversity of Maize Landraces as a Source of Favorable Traits. In: Genetic Diversity, Book 2, (eds) Caliskan M. published by InTech, pp 89–112
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, da Fonseca GA, Kent J (2000) Biodiversity Hotspots for Conservation Priorities. *Nature* 24:403(6772):853–858. doi:10.1038/35002501
- McNally KL, Childs KL, Bohnert R, Davidson RM, Zhao K, Ulat VJ, Zeller G, Clark RM, Hoen DR, Bureau TE, Stokowski R, Ballinger DG, Frazer KA, Cox DR, Padhukasahasram B, Bustamante CD, Weigel D, Mackill DJ, Bruskiewich RM, Rötter G, Buell CR, Leung H, Leach JE (2009) Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106:12273–12278
- Nevo E, Chen G (2010) Drought and salt tolerances in wild relatives for wheat and barley improvement. *Plant Cell Environ* 33:670–685
- Nemeth C, Yang C, Kasprzak P, Hubbart S, Scholefield D, Mehra S et al. (2015) Generation of amphidiploids from hybrids of wheat and related species from the genera *Aegilops*, *Secale*, *Thinopyrum*, and *Triticum* as a source of genetic variation for wheat improvement. *Genome* 58:71–79
- Nikolić A, Ignjatović-Micić D, Dodig D, Anđelković V, Lazić-Jančić V (2012) Identification of QTLs for yield and drought-related traits in maize: Assessment of their causal relationship. *Biotech Biotech Equi* 26(3):2952–2960

- Nikolić A, Anđelković V, Dodig D, Mladenović Drinić S, Kravić N, Ignjatović-Micić D (2013) Identification of QTL-s for drought tolerance in maize, II : yield and yield components. *Genetika* 45(2):341–350
- Pavek J, Corsini D (2001) Utilization of potato genetic resources in variety development. *Am J Potato Res* 78:433–441
- Padulosi S, Heywood V, Hunter D, Jarvis A (2011) Underutilized Species and Climate Change: Current Status and Outlook. In: Yadav SS, Redden RJ, Hatfield JL, Lotze-Campen H, Hall AE (eds) *Crop Adaptation to Climate Change*. John Wiley & Sons, Ltd. Published by Blackwell Publishing Ltd.
- Park S, Kang T-S, Chang-Kil K, Han J-S, Kim S, Smith HR, Pike ML, Hirschi DK (2005) Genetic Manipulation for Enhancing Calcium Content in Potato Tuber. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 53:5598–5603
- Parmesan C (2006) Ecological and evolutionary responses to recent climate change. *Ecology Evolution* 37:637–669
- Peleg Z, Saranga Y, Suprunova T, Ronin Y, Röder M, Kilian A, Korol A, Fahima T (2008) High-density genetic map of durum wheat x wild emmer wheat based on SSR and DArT markers. *Theoretical and Applied Genetics* 117:103–115
- Peleg Z, Cakmak I, Ozturk L, Yazici A, Jun Y, Budak H, Korol BA, Fahima T, Saranga Y (2009) Quantitative trait loci conferring grain mineral nutrient concentrations in durum wheat x wild emmer wheat RIL population. *Theoretical and Applied Genetics* 119:353–369
- Prescott-Allen C, Prescott-Allen R (1986). *The first resource: Wild species in the North American economy*. Yale Univ Press, New Haven, CT
- Pržulj N, Momčilović V, Simić J, Miroslavljević M (2014) Effect of growing season and variety on quality of spring two-rowed barley. *Genetika* 46:59–73
- Rodrigues ASL, Akçakaya HS, Andelman SJ, Bakarr MI, Boitani L, Brooks TM, Chanson JS, Fishpool LDC, Da Fonseca GAB, Gaston KJ (2004) Global Gap Analysis: Priority Regions for Expanding the Global Protected-Area Network. *BioScience* 54(12):1092–1100
- Root BA, Price JT, Hall K (2003) Fingerprints of global warming on wild animals and plants. *Nature* 421:47–60
- Rosenthal JP, Dirzo R (1997) Effects of life history, domestication and agronomic selection on plant defence against insects: evidence from maize and wild relatives. *Evol Ecol* 11:337–355
- Salamini F, Özkan H, Brandolini A, Schäfer-Pregl R, Martin W (2002) Genetics and geography of wild cereal domestication in the near east. *Nat Rev Genet* 3:429–441
- Sanchez PL, Wing RA, Brar DS (2013) The wild relative of rice: genomes and genomics. In: Zhang Q, Wing R (eds) *Genetics and Genomics of Rice*. Berlin: Springer Science+Business Media, LLC), pp 9–25

- Sarao PS, Sahi GK, Neelam K, Mangat GS, Patra BC, Singh K (2016) Donors for resistance to brown planthopper *Nilaparvata lugens* (Stål) from wild rice species. *Rice Sci* 23:219–224
- Sethi S (2015) *Bread, Wine, Chocolate: The Slow Loss of Foods We Love*. New York, NY: Harper Collins
- Singh N, Jayaswal PK, Panda K, Mandal P, Kumar V, Singh B, et al. (2015) Single-copy gene based 50K SNP chip for genetic studies and molecular breeding in rice. *Sci Rep* 5:11600
- Slikkerveer L (1994) *Indigenous agricultural knowledge systems in developing countries: a bibliography*. Indigenous Knowledge Systems Research and Development Studies No. 1. Special Issue: INDAKS Project Report 1 in collaboration with the European Commission DG XII. Leiden, the Netherlands, Leiden Ethnosystems and Development Programme (LEAD)
- Smýkal P, Nelson, MN, Berger JD, von Wettberg, EJ (2018) The impact of genetic changes during crop domestication. *Agronomy* 8:119
- Snader M, McCloud TG (1994) Ethnobotany and drug discovery: the experience of the US National Cancer Institute. *Ethnobot Search New Drugs* 185:178
- Solis J, Gutierrez A, Mangu V, Sanchez E, Bedre R, Linscombe S, Baisakh N (2017) Genetic mapping of quantitative trait loci for grain yield under drought in rice under controlled greenhouse conditions. *Front Chem* 5:129
- Sprague SJ, Marcroft SJ, Hayden HL, Howlett BJ (2006) Major gene resistance to blackleg in *Brassica napus* overcome within three years of commercial production in Southeastern Australia. *Plant Dis* 90:190–198
- Sripathi VR, Buyyarapu R, Kumpatla SP, Williams AJ, Nyaku ST, Tilahun Y, et al. (2016) Bioinformatics tools and genomic resources available in understanding the structure and function of gossypium. *Bioinformatics* 231:233–258
- Sharma T, Rai A, Gupta S, Vijayan J, Devanna B, Ray S (2012) Rice blast management through host-plant resistance: retrospect and prospects. *Agric Res* 1:37–52
- Sharma S, Upadhyaya HD, Varshney RK, Gowda CLL (2013) Pre-breeding for diversification of primary gene pool and genetic enhancement of grain legumes. *Front Plant Sci* 4:309
- Sheehy JE, Elmido A, Centeno G, Pablico P (2005) Searching for new plant for climate change. *Journal of Agricultural Meteorology* 60:463-468
- Scheelbeek PFD, Bird FA, Tuomisto HL, Green R, Harris FB, Joy EJM, Chalabi Z, Allen E, Haines A, Dangour AD (2018) Effect of environmental changes on vegetable and legume yields and nutritional quality. *PNAS* 115(26):6804–6809

- Schnable PS, Ware D, Fulton RS, Stein JC, Wei F, Pasternak S, et al. (2009) The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science* 326: 1112–1115
- Takken FLW, Joosten MHAJ (2000) Plant Resistance Genes: Their Structure, Function and Evolution. *European Journal of Plant Pathology* 106:699–713
- Tigchelaar M, Battisti DS, Naylor RL, Ray DK (2018) Future warming increases probability of globally synchronized maize production shocks. *PNAS* 115(26):6644–6649
- The Crop Wild Relative inventory. <http://www.cwrdiversity.org/checklist/>
- Thomas CD, Cameron A, Green RE et al. (2004) Extinction risks from climate change. *Nature* 427:145–148
- USGCRP (2014) Hatfield J, Takle G, Grotjahn R, Holden P, Izaurrealde RC, Mader T, Marshall E, Liverman D (2014) In: Melillo JM, Richmond T, Yohe GW (eds) Ch. 6: Agriculture. *Climate Change Impacts in the United States: The Third National Climate Assessment*. U.S. Global Change Research Program, 150–174
- FAO (2015) The State of Food Insecurity in the World. Meeting the 2015 international hunger targets: taking stock of uneven progress. FAO, Rome
- Flint-Garcia AS (2013) Genetics and Consequences of Crop Domestication. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61:8267–8276
- Fujita D, Kohli A, Horgan FG (2013) Rice resistance to planthoppers and leafhoppers. *Crit Rev Plant Sci* 32:162–191
- Haverkort AJ, Boonekamp PM, Hutten R, Jacobsen E, Lotz LAP, Kessel GJT, Visser RGF, Van der Vossen EAG (2008) Societal costs of late blight in potato and prospects of durable resistance through cisgene modification. *Potato Res* 51:47–57
- Hajjar R, Hodgkin T (2007) The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* 156:1–13
- Haun WJ, Hyten DL, Xu WW, Gerhardt DJ, Albert TJ, Richmond T et al. (2011) The composition and origins of genomic variation among individuals of the soybean reference cultivar Williams 82. *Plant Physiol* 155:645–655
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, de Waard JR (2003) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 270:313–321
- Heywood VH, Dulloo ME (2005) In situ conservation of wild plant species: A critical global review of good practices. Food and Agriculture Organisation, Rome, Italy
- Heywood VH (2011) Selection and prioritization of species/populations and areas. In: Hunter D, Heywood V (eds) *Crop Wild Relatives, A Manual of In*

- Situ* Conservation. Issues in Agricultural Biodiversity. Earthscan, London, pp 129–168
- Hirsch CN, Foerster JM, Johnson JM, Sekhon RS, Muttoni G, Vaillancourt B et al. (2014) Insights into the maize pan-genome and pantranscriptome. *Plant Cell* 26:121–135
- Huang S, Weigel D, Beachy RN, Li J (2016) A proposed regulatory framework for genome-edited crops. *Nat Genet* 48:109–111
- Hufford MB, Xu X, Van Heerwaarden J, Pyhäjärvi T, Chia J-M, Cartwright RA, et al. (2012) Comparative population genomics of maize domestication and improvement. *Nat Genet* 44:808–811
- Cavaliere C (2009) The effects of climate change on medicinal and aromatic plants. *Herbal Gram (American Botanical Council)* 81:44–57
- Clark PU (2016) Consequences of twenty-first-century policy for multi-millennial climate and sea-level change. *Nature Climate Change* 6(4):360–69
- Climate Change (2013) The Physical Science Basis. <http://www.ipcc.ch/report/ar5/wg1/>
- Colton ML, Groza IH, Wielgus MS, Jiang J (2006) Marker-Assisted Selection for the Broad-Spectrum Potato Late Blight Resistance Conferred by Gene RB Derived from a Wild Potato Species. *Crop Science* 46:589–594
- Cowan RS, Chase MW, Kress WJ, Savolainen V (2006) 300,000 species to identify: problems, progress, and prospects in DNA barcoding of land plants. *Taxon* 55:611–616
- Chavan S, Smith SM (2014) A Rapid and Efficient Method for Assessing Pathogenicity of *Ustilago maydis* on Maize and Teosinte Lines. *J Vis Exp* 83:e50712. doi:10.3791/50712
- Wambugu P, Kiiru J, Matiru V (2018) *Escherichia coli* harbouring resistance genes, virulence genes and integron 1 isolated from Athi river in Kenya. *Adv Microbiol* 8(11):846–858
- Wang S, Wong D, Forrest K, Allen A, Chao S, Huang BE et al. (2014) Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90,000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotech J* 12:787–796
- Wright EM, Kelly JD (2011) Mapping QTL for seed yield and canning quality following processing of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 179: 471–484
- Xie W, Nevo E (2008) Wild emmer: genetic resources, gene mapping and potential for wheat improvement. *Euphytica* 164:603–614
- Yuan D, Tang Z, Wang M, Gao W, Tu L, Jin X, et al. (2015) The genome sequence of Sea-Island cotton (*Gossypium barbadense*) provides insights into the allopolyploidization and development of superior spinnable fibres. *Sci Rep* 5:17662

Significance of wild relatives genetic variability in cultivated plants breeding

Violeta Anđelković, Zoran Jovović, Novo Pržulj

Summary

The challenge of ensuring global security in food production and availability worldwide is very large and demanding. The expected increase in the population on Earth, changes in needs and eating habits, will increase the demand in food systems in the coming decades, much more than the expected increase in the yield of cultivated plants. Constraints in land, water and other natural resources, competition between arable and non-arable land, soil degradation, climate change and the need to minimize adverse impacts on ecosystems and biodiversity, further limit the existing potential for food production. Although increased food availability can be achieved in part by changing diets and increasing productivity, the sustainability of existing agricultural systems is essential. The basis for increasing sustainability is the use of new genetic diversity in plant breeding to create varieties that contain traits such as tolerance to drought and high temperatures, increased resistance to pests and diseases, and improved quality of plant parts used in human nutrition.

As sources of new variability, crop wild relatives have been used for decades in plant breeding, contributing to a large number of useful agronomic and nutritional traits. Their use is expected to increase as a result of the steady increase in information on wild species and their diversity, and advances in conventional and molecular breeding. Expectations are based on the assumption that crop wild relatives will be easily available for research and breeding, which requires their organized collection, conservation, and access to germplasm in gene banks and protected areas where they grow. Collections in gene banks are often incomplete and do not include the existing variability of wild relatives. The collection of crop wild relatives should focus in particular on areas with extreme climatic conditions, where it is possible to find gene / traits that are not found in natural (normal) ecological conditions. The processes of introducing genetic diversity from wild relatives into cultivated plants are long-lasting and begin in nature, where botanists, taxonomists and genetic resource experts collect wild relatives. Then the curators in the gene banks perform conservation and characterization; geneticists, agronomists, phytopathologists, entomologists and

physiologists further evaluation, after which pre-breeders and breeders incorporate desirable alleles into new varieties.

Large collections of germplasms in gene banks in which wild relatives are underrepresented, as well as evaluation of samples in different external environments, which were not targeted according to potential use in breeding, are reasons for low usability of crop wild relatives. In general, there is a lack of information on economic important traits which often have a high interaction by environment. All of this is a problem for breeders to successfully select the appropriate genetic divergence and sources of variability for their breeding programs.

Although gene banks have significantly facilitated the use of wild relatives, their disadvantage is that they store only a fraction of the total genetic variability that exists in wild relatives. In *ex situ* conservation, plants are not exposed to selection processes to which natural populations are exposed, thus preserving the evolutionary process. The advantage of *in situ* conservation is that it allows the creation of new variability that arises as a result of adaptation of populations to environment and biotic factors, which is especially important in the context of current climate change. This means that in addition to *ex situ* collections, it is necessary to have *in situ* conservation of wild relatives, in order to maintain much wider genetic diversity and ensure that habitats where wild relatives grow are protected, so that these plants continue to develop in the wild.

Accurately defined relations between cultivated plants and wild relatives are of particular importance for exploiting the benefits of wild germplasm. Effective use of wild relatives requires their accurate identification, classification and characterization. Identification only on the basis of morphological features often leads to errors in systematizations, especially in the case of morphologically similar and related species. The largest number of accessions in gene banks was identified only up to the genus level. Therefore, precise identification is necessary for the determination of genes and defining the manner of their transfer in the breeding.

Providing breeders with the genetic diversity of wild relatives through the pre-breeding process is very useful for faster and more efficient introduction of desirable traits from wild relatives into modern varieties. The pre-breeding process does not produce varieties that can be grown directly, but a set of genotypes with desirable alleles that will, later in crosses, be incorporated into new varieties. In today's breeding programs, hybridization is the basic way to introduce new genes into cultivated plants. A large number of cultivated plants have wild relatives with which they are compatible and it is possible to use their

genes by simple hybridization to improve some traits of cultivated plants. Finding new methods for crossing cultivated plants and their wild relatives is an ongoing task in order to efficiently use the genetic variability of wild relatives. After the crossings, it is necessary to form a large population of offspring to study the effect of the introduced gene, its mapping in the genome and its exploitation using marker assisted selection. The application of modern molecular and genomic techniques in the identification of genes of interest in wild relatives of cultivated plants can accelerate the process of creating superior cultivars for the needs of increased agricultural production.

Preliminary assessments have shown some shortcomings in the conservation of wild relatives in gene banks, and the natural habitats of wild populations of many species are in danger of extinction due to the conversion of natural habitats to agricultural ones, or their reduction by urbanization, invasive species, mining, climate change and / or by pollution. Therefore, a coordinated activity in conservation and availability of wild relatives of cultivated plants is necessary, in order to use them in improving crops, which is of great importance, both for the conservation of biological diversity and for food security.

Key words: Crop wild relatives, genetic resources, climate changes, improved varieties