

## Генноредаговані рослини: досягнення та перспективи (огляд)

Н. Е. Волкова

*Інститут кліматично орієнтованого сільськогосподарства НААН України,  
вул. Маяцька дорога, 24, смт Хлібодарське, Одеський р-н, Одеська обл., 67667, Україна,  
e-mail: nataliia.volkova@icsanaas.com.ua*

**Мета.** Проаналізувати сучасну ситуацію з поліпшенням сільськогосподарських культур технологіями редагування генів. **Результати.** Проаналізовано нинішню ситуацію зі створенням сортів рослин за допомогою технологій редагування генів. Натепер редагування геному застосовано до широкого спектра культур, зокрема пшениці, ячменю, кукурудзи, бобових, сої, ріпаку, томатів, цикорію, різних садових рослин, фруктових і лісових дерев, водоростей. Практичне впровадження цих технологій продемонстровано на прикладі генів, пов'язаних із забезпеченням толерантності до дії високих і низьких температур. Також наведено приклади комерціалізованих генноредагованих рослин. **Висновки.** Завдяки внеску в підвищення врожайності, стійкості проти хвороб і шкідників, а також біофортифікації продовольчих культур редагування генів має значні перспективи та, безумовно, є технологією, що дає змогу створювати поліпшені сорти сільськогосподарських рослин.

**Ключові слова:** редагування генів; транскрипційні фактори; мутагенез; температурний стрес.

### Вступ

В умовах погіршення клімату, швидкого зростання чисельності населення та експоненційно щораз більшого попиту на харчові продукти важливим є питання продовольчої безпеки в майбутньому [1]. Продовольча та сільськогосподарська організація ООН (англ. Food and Agriculture Organization, FAO) повсякчас закликає до колективних зусиль для модернізації агропродовольчої системи. Окрім цих перетворень, необхідно використовувати всі інструменти, за допомогою яких можна збільшити продуктові запаси та поліпшити харчування.

Вчені постійно розробляють нові підходи, методи та інструменти, щоб підвищити ефективність селекції рослин. Інновації в прецизійній селекції передбачають як цифрові (датчики, детектори та роботизовані пристрої), об'єднані з технологіями управління для точного й результативнішого керування системою виробництва, так і генетичні інструменти (нові методи молекулярної селекції для модифікації та редагування генів).

Nataliia Volkova  
<http://orcid.org/0000-0002-9333-4872>

*Мета* цього огляду – проаналізувати сучасну ситуацію з поліпшенням сільськогосподарських культур технологіями редагування генів.

### Результати

Генномодифіковані сільськогосподарські культури та вироблені з них харчові продукти використовують вже майже три десятиліття. Їхню безпечність оцінено різними науковими методами та не виявлено жодної шкоди, спричиненої їх вживанням. Редагування генів принципово відрізняється від генетичної модифікації, пов'язаної зі введенням «чужорідної» ДНК, яка не завжди може бути отримана з рослини й не утворюється природним способом. У процесі редагування генів невеликі цілеспрямовані зміни вносять до наявної ДНК, що спричиняє потенційно корисні постійні мутації, а результати, одержані внаслідок цього, можуть виникати й природно.

Історично генетичні дослідження головним чином зосереджували на ідентифікації та вивченні спонтанних мутацій, що відповідало принципам, встановленим Менделем, Евері та Морганом. У ХХ ст. продемонстровано, що швидкість мутагенезу можна збільшити за допомогою хімічного або радіаційного оброблен-

ня, так званого індукованого мутагенезу. Пізніше в деяких організмах стало можливим застосування методів транспозонних вставок. Однак технології індукованого мутагенезу призводять до модифікацій геному у випадкових місцях. У 1970–1980-х рр. досягнуто перших цілеспрямованих генетичних змін у дріжджів і мишей, втім використані методи, що спиралися, зокрема, на гомологічну рекомбінацію, були малоєфективними. Пізніші прогресивні технології редагування генів дали змогу провадити планомірні генетичні маніпуляції майже в усіх типах клітин та організмів.

Завдяки нещодавнім здобуткам в інструментах редагування генів і високопродуктивному аналізу, а саме: секвенуванню ДНК, запровадженню сайт-спрямованих нуклеаз (англ. Site-Directed Nuclease, SDN), досягнуто модифікації геному з надзвичайною точністю та специфічністю. Детальний опис технологій редагування, а також поточного стану недавно розроблених інструментів генетичної інженерії для зміни генів рослин подано в оглядовій статті [2].

*Редагування генів рослин щодо стійкості проти температурного стресу.* Перед сільськогосподарським виробництвом завжди поставали біотичні та абіотичні виклики, але глобальна надзвичайна кліматична ситуація істотно збільшує ризик для виробництва продовольства [3]. Зменшення або втрата врожаю можуть бути спричинені швидким підвищенням та/чи зниженням температури за межами нормального діапазону, а також впливом неоптимальних температур протягом більш тривалих періодів. Температурний стрес перешкоджає фотосинтезу, впливає на колообіг і доступність поживних речовин, порушує синтез протеїнів та змінює функціональність різних ензимів, фітогормонів й інших сигнальних молекул.

Полігенну ознаку стійкості проти температурного стресу часто оцінюють через такі складні показники, як сформовані в його умовах врожайність та якість. Геномні бази даних та інструменти біоінформатики є основними джерелами інформації про гени та регуляторні елементи, пов'язані з температурним стресом. Але для розроблення стійких проти нього сортів все ще необхідна експериментальна перевірка цих генів за допомогою інструментів функціональної геноміки [4]. Методи редагування генів використовують як підхід до створення стресостійких сортів, а також для вивчення функції потенційних генів-кандидатів у відповідь на стресові умови [5].

Селекціонери використовували кілька підходів до створення термостійких рослин,

зокрема традиційну та мутаційну селекцію, технологію рекомбінантної ДНК і редагування геному [6–8]. Застосовуючи підходи функціональної геноміки, виявили гени, пов'язані зі стійкістю проти температурного стресу. Протягом двох останніх десятиліть завдяки трансгенній селекції вдалося розробити сорти, що експресують гени, які забезпечують стійкість проти температурного стресу. Втім через громадське упередження, особливо в Європі, та інші проблеми доступу до ринку трансгенні культури впроваджують обмежено [9].

*Толерантність до теплового стресу.* Редагування генів, пов'язаних із забезпеченням стійкості проти підвищених температур, здійснено для таких культур, як рис, кукурудза, огірок, бавовник і томат.

Рис (*Oryza sativa* L.) є основною продовольчою культурою для понад половини населення світу. За оцінками, до 2030 року орієнтовно 16% рисових площ на стадії репродуктивного росту будуть зазнавати впливу фізіологічно високих температур [10]. Для редагування за допомогою техніки направленої інактивації гена або нокауту гена (англ. gene knockout) обрано гени транскрипційних факторів *OsNAC127* та *OsNAC129* [11], *OsNTL3* [12], *OsNAC006* [13], *OsTMS5* [14] і ген розвитку хлоропластів *Osheat stressA1* [15]. Отримані мутантні лінії під час теплового стресу продемонстрували кращий ріст, ніж у дикорослого рису, що свідчить про їхню здатність бути толерантними до високих температур.

Процес репродукції томата (*Solanum lycopersicum* L.) надзвичайно чутливий до теплового стресу, що перешкоджає цілорічному вирощуванню цієї культури. Для розроблення термостійких ліній партенокарпічних томатів здійснено нокаут гена *MADS-Box SLAGAMOUS-LIKE 6 (SLAGL6)* [16]. Мутантні лінії мали плоди нормального розміру без кісточок і життєздатний пилок за температури від 38 °C і вище. Також проведено редагування генів *SlHYPRP1* (кодує пролін-збагачений протеїн) [17], *SlMAPK3* та *SlCPK28* (обидва кодуєть протеїнкіназу) [18, 19] і гена *SlBZR1* транскрипційного фактора [20].

Кукурудза (*Zea mays* L.) – одна з чотирьох найважливіших культур світу. На її врожайність негативно впливають екстремальні температури, особливо посуха. Внаслідок редагування гена *ZmCDPK7*, що кодує протеїнкіназу [21], а також гена *ZmTMS5* транскрипційного фактора [22] отримані мутантні лінії проявляли стійкість проти теплового стресу.

В огірка (*Cucumis sativus* L.) редаговано ген *CsSPT* транскрипційного фактора [23], в

бавовнику (*Gossypium* spp.) – ген *GhAOC2*, що кодує ензим біосинтезу жасмонової кислоти [24].

Салат (*Lactuca sativa* L.) – сезонна культура, сприйнятлива до дії температур, які перевищують оптимальні. В сортах ‘Salinas’ і ‘Cobham Green’ проведено редагування гена *LsNCED4*, що кодує ензим біосинтезу абсцизової кислоти [25]. Мутантні лінії за температури 37 °C продемонстрували вищий діапазон відсотка проростання насіння (70%), як порівняти з рослинами дикого типу.

Редагування генів рослин щодо стійкості проти холодного стресу. Арабідопсис (*Arabidopsis thaliana* L.) як модельну рослину широко використовують для дослідження молекулярних і фізіологічних механізмів адаптації та стійкості рослин проти холодного стресу. Для розуміння цих процесів здійснено редагування генів *UGT79B2* та *UGT79B3*, що кодують глікозилтрансферази [26], а також *CBF1*, *CBF2* та *CBF3*, які кодують транскрипційні фактори [27, 28].

Для сигналіngu та відповіді на холодний стрес дуже чутливий до нього рис розвинув кілька шляхів з регуляторними транскрипційними факторами. Редаговано гени *OsNAC050*, *OsMYB30*, *OsPIN5b* та *GS3*, що кодують транскрипційні фактори [29, 30], *OsPRP1*, який кодує пролін-збагачений протеїн [31] та *OsAnn3*, що кодує кальційзалежний мембранний зв'язувальний протеїн [32].

Урожайність томатів значно залежить від дії низьких температур. Редаговано ген *SINPR1* – регулятор сигналіngu саліцилової кислоти – та *SICBF1*, що кодує фактори зв'язування С-повторів [33]. У картоплі (*Solanum tuberosum* L.) редаговано ген *VInv* синтезу інвертази [34], гени транскрипційних факторів *VaPAT1* – у винограду (*Vitis amurensis* L.) [35], *FvICE1* – у полуниці (*Fragaria × ananassa*) [36].

Отже, серед досліджених і редагованих значна кількість генів транскрипційних факторів, адже рослини реагують зміною експресії генів, що беруть участь у різних фізіологічних і біохімічних процесах після впливу низьких або високих температур.

Прикладом вже комерціалізованих генно-редагованих рослинних продуктів є схвалені Міністерством сільського господарства США (англ. US Department of Agriculture, USDA) стійкі проти потемніння гриби [37], воскоподібна кукурудза зі значним вмістом амілопектину [38] та льон (*Camelina sativa* L.) з підвищеним вмістом олії омега-3 [39]. Перший генноредагований томат [сорт ‘Sicilian Rouge High GABA’ від компанії «Sanatech

Seed» (Японія)] з високим рівнем гамма-аміномасляної кислоти, яка знижує артеріальний тиск, продають безпосередньо споживачам в Японії [40].

Генноредаговані культури, на відміну від генетично модифікованих, не містять трансгенів, а тому можуть бути більш прийнятними для суспільства. Однак ширшій комерціалізації сприятиме гармонізація процесу їх регулювання у різних країнах [41].

Досягнення та напрями подальшого поліпшення рослин за допомогою технологій редагування генів узагальнено в дорожній карті для редагування генів рослин [42].

## Висновки

Створення генноредагованих рослин, толерантних до підвищення загальної температури й температурних коливань, які спричиняють зниження глобальної врожайності, сприяє зменшенню загроз для міжнародної продовольчої безпеки. Технології редагування генів також використовують для одержання менш сприйнятливих до патогенів рослин, надання нової специфічності наявним генам стійкості з метою відповідності патогенам, що еволюціонують, а також для безпосереднього націлювання та зміни ДНК патогенів. Натепер редагування геному застосовано до широкого спектра культур, зокрема пшениці, ячменю, кукурудзи, бобових, сої, ріпаку, томатів, цикорію, різних садових рослин, фруктових і лісових дерев, водоростей.

Завдяки внеску в підвищення врожайності, стійкості проти хвороб і шкідників, а також біофортифікації продовольчих культур редагування генів має значні перспективи та, безумовно, є технологією, що дає змогу створювати поліпшені сорти сільськогосподарських рослин.

## References

- ISAAA. (2021). Breaking barriers with breeding: A Primer on new breeding innovations for food security. *ISAAA Brief No. 56*. Ithaca, NY: ISAAA.
- Bhuyan, S. J., Kumar, M., Ramrao Devde, P., Rai, A. C., Mishra, A. K., Singh, P. K., & Siddique, K. H. M. (2023). Progress in gene editing tools, implications and success in plants: a review. *Frontiers in Genome Editing*, 5, Article 1272678. doi: 10.3389/fgeed.2023.1272678
- Razzaq, A., Wani, S. H., Saleem, F., Yu, M., Zhou, M., & Shabala, S. (2021). Rewilding crops for climate resilience: economic analysis and de novo domestication strategies. *Journal of Experimental Botany*, 72(18), 6123–6139. doi: 10.1093/jxb/erab276
- Raza, A., Tabassum, J., Kudapa, H., & Varshney, R. K. (2021). Can omics deliver temperature resilient ready-to-grow crops? *Critical Reviews in Biotechnology*, 41(8), 1209–1232. doi: 10.1080/07388551.2021.1898332
- Elliot, M., & Toth, I. (2023). A Review of Gene Editing for the Benefit of Plant Health. *Plant Health Cases*. doi: 10.1079/planthealthcases.2023.0015

6. Anwar, A., & Kim, J. (2020). Transgenic breeding approaches for improving abiotic stress tolerance: recent progress and future perspectives. *International Journal of Molecular Sciences*, *21*(8), Article 2695. doi: 10.3390/ijms21082695
7. Janni, M., Gulli, M., Maestri, E., Marmioli, M., Valliyodan, B., Nguyen, H. T., & Marmioli, N. (2020). Molecular and genetic bases of heat stress responses in crop plants and breeding for increased resilience and productivity. *Journal of Experimental Botany*, *71*(13), 3780–3802. doi: 10.1093/jxb/eraa034
8. Ku, H.-K., & Ha, S.-H. (2020). Improving nutritional and functional quality by genome editing of crops: status and perspectives. *Frontiers in Plant Science*, *11*, Article 577313. doi: 10.3389/fpls.2020.577313
9. Chakraborty, A., Choudhury, S., Kar, S. R., Deb, P., & Wylie, S. J. (2024). Gene editing for tolerance to temperature stress in plants: A review. *Plant Gene*, *37*, Article 100439. doi: 10.1016/j.plgene.2023.100439
10. Khan, S., Anwar, S., Ashraf, M. Y., Khaliq, B., Sun, M., Husain, S., Gao, Z., Noor, H., & Alam, S. (2019). Mechanisms and adaptation strategies to improve heat tolerance in rice. A review. *Plants*, *8*, Article 508. doi: 10.3390/plants8110508
11. Ren, Y., Huang, Z., Jiang, H., Wang, Z., Wu, F., Xiong, Y., & Yao, J. (2021). A heat stress responsive NAC transcription factor heterodimer plays key roles in rice grain filling. *Journal of Experimental Botany*, *72*(8), 2947–2964. doi: 10.1093/jxb/erab027
12. Liu, X., Lyu, Y., Yang, W., Yang, Z., Lu, S., & Liu, J. (2019). A membrane-associated NAC transcription factor OsNLT3 is involved in thermotolerance in rice. *Plant Biotechnology Journal*, *18*(5), 1317–1329. doi: 10.1111/pbi.13297
13. Wang, B., Zhong, Z., Wang, X., Han, X., Yu, D., Wang, C., Song, W., Zheng, X., Chen, C., & Zhang, Y. (2020). Knockout of the OsNAC006 transcription factor causes drought and heat sensitivity in rice. *International Journal of Molecular Sciences*, *21*(7), Article 2288. doi: 10.3390/ijms21072288
14. Zhou, H., He, M., Li, J., Chen, L., Huang, Z., Zheng, S., ... Zhuang, C. (2016). Development of commercial thermo-sensitive genic male sterile rice accelerates hybrid rice breeding using the CRISPR/Cas 9-mediated TMS5 editing system. *Scientific Reports*, *6*(1), Article 37395. doi: 10.1038/srep37395
15. Qiu, Z., Kang, S., He, L., Zhao, J., Zhang, S., Hu, J., ... Zhu, L. (2018). The newly identified heat-stress sensitive albino 1 gene affects chloroplast development in rice. *Plant Science*, *267*, 168–179. doi: 10.1016/j.plantsci.2017.11.015
16. Klap, C., Yeshayahou, E., Bolger, A. M., Arazi, T., Gupta, S. K., Shabtai, S., ... Barg, R. (2016). Tomato facultative parthenocarpy results from SLGAMOUS-LIKE 6 loss of function. *Plant Biotechnology Journal*, *15*(5), 634–647. doi: 10.1111/pbi.12662
17. Tran, M. T., Son, G. H., Song, Y. J., Nguyen, N. T., Park, S., Thach, T. V., ... Kim, J.-Y. (2023). CRISPR-Cas 9-based precise engineering of SlHyPRP1 protein towards multi-stress tolerance in tomato. *Frontiers in Plant Science*, *14*, Article 1186932. doi: 10.3389/fpls.2023.1186932
18. Yu, W., Wang, L., Zhao, R., Sheng, J., Zhang, S., Li, R., & Shen, L. (2019). Knockout of SLMAPK3 enhances tolerance to heat stress involving ROS homeostasis in tomato plants. *BMC Plant Biology*, *19*(1), Article 354. doi: 10.1186/s12870-019-1939-z
19. Hu, Z., Li, J., Ding, S., Cheng, F., Li, X., Jiang, Y., Yu, J., Foyer, C. H., & Shi, K. (2021). The protein kinase CPK28 phosphorylates ascorbate peroxidase and enhances thermotolerance in tomato. *Plant Physiology*, *186*(2), 1302–1317. doi: 10.1093/plphys/kiab120
20. Yin, Y., Qin, K., Song, X., Zhang, Q., Zhou, Y., Xia, X., & Yu, J. (2018). BZR1 transcription factor regulates heat stress tolerance through FERONIA receptor-like kinasemediated reactive oxygen species signaling in tomato. *Plant and Cell Physiology*, *59*(11), 2239–2254. doi: 10.1093/pcp/pcy146
21. Zhao, Y., Du, H., Wang, Y., Wang, H., Yang, S., Li, C., ... Hu, X. (2021). The calcium-dependent protein kinase ZmCDPK7 functions in heat stress tolerance in maize. *Journal of Integrative Plant Biology*, *63*(3), 510–527. doi: 10.1111/jipb.13056
22. Li, J., Zhang, H., Si, X., Tian, Y., Chen, K., Liu, J., Chen, H., & Gao, C. (2017). Generation of thermosensitive male-sterile maize by targeted knockout of the ZmTMS5 gene. *Journal of Genetics and Genomics*, *44*(9), 465–468. doi: 10.1016/j.jgg.2017.02.002
23. Liang, Y., Yang, C., Ming, F., Yu, B., Cheng, Z., Wang, Y., ... Yan, S. (2024). A bHLH transcription factor, CsSPT, regulates high-temperature resistance in cucumber. *Horticultural Plant Journal*, *10*(2), 503–514. doi: 10.1016/j.hpj.2023.02.005
24. Khan, A. H., Ma, Y., Wu, Y., Akbar, A., Shaban, M., Ullah, A., ... Min, L. (2023). High-temperature stress suppresses allene oxide cyclase 2 and causes male sterility in cotton by disrupting jasmonic acid signaling. *The Crop Journal*, *11*(1), 33–45. doi: 10.1016/j.cj.2022.05.009
25. Bertier, L. D., Ron, M., Huo, H., Bradford, K. J., Britt, A. B., & Michelmore, R. W. (2018). High-resolution analysis of the efficiency, heritability, and editing outcomes of CRISPR/Cas 9-induced modifications of *NCED4* in lettuce (*Lactuca sativa*). *G3 Genes/Genomes/Genetics*, *8*(5), 1513–1521. doi: 10.1534/g3.117.300396
26. Li, P., Li, Y., Zhang, F., Zhang, G., Jiang, X., Yu, H., & Hou, B. (2016). The *Arabidopsis* UDP-glycosyltransferases UGT79B2 and UGT79B3, contribute to cold, salt and drought stress tolerance via modulating anthocyanin accumulation. *The Plant Journal*, *89*(1), 85–103. doi: 10.1111/tpj.13324
27. Jia, Y., Ding, Y., Shi, Y., Zhang, X., Gong, Z., & Yang, S. (2016). The cbfs triple mutants reveal the essential functions of CBFs in cold acclimation and allow the definition of CBF regulons in *Arabidopsis*. *New Phytologist*, *212*(2), 345–353. doi: 10.1111/nph.14088
28. Zhao, C., Zhang, Z., Xie, S., Si, T., Li, Y., & Zhu, J.-K. (2016). Mutational evidence for the critical role of CBF transcription factors in cold acclimation in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, *171*(4), 2744–2759. doi: 10.1104/pp.16.00533
29. Zeng, Y., Wen, J., Zhao, W., Wang, Q., & Huang, W. (2020). Rational improvement of rice yield and cold tolerance by editing the three genes OsPIN5b, GS3, and OsMYB30 with the CRISPR-Cas 9 system. *Frontiers in Plant Science*, *10*, Article 1663. doi: 10.3389/fpls.2019.01663
30. Wang, B., Wang, Y., Xie, L., Yu, W., Lan, Q., Wang, Y., Chen, C., & Zhang, Y. (2023). Knocking out OsNAC050 expression causes low-temperature tolerance in rice by regulating photosynthesis and the sucrose metabolic pathway. *Agriculture*, *13*(7), Article 1378. doi: 10.3390/agriculture13071378
31. Nawaz, G., Han, Y., Usman, B., Liu, F., Qin, B., & Li, R. (2019). Knockout of OsPRP1, a gene encoding proline-rich protein, confers enhanced cold sensitivity in rice (*Oryza sativa* L.) at the seedling stage. *3 Biotech*, *9*(7), Article 254. doi: 10.1007/s13205-019-1787-4
32. Shen, C., Que, Z., Xia, Y., Tang, N., Li, D., He, R., & Cao, M. (2017). Knock out of the annexin gene OsAnn3 via CRISPR/Cas 9-mediated genome editing decreased cold tolerance in rice. *Journal of Plant Biology*, *60*(6), 539–547. doi: 10.1007/s12374-016-0400-1
33. Shu, P., Li, Y., Xiang, L., Sheng, J., & Shen, L. (2023). SLNPR1 modulates chilling stress resistance in tomato plant by alleviating oxidative damage and affecting the synthesis of ferulic acid. *Scientia Horticulturae*, *307*, Article 111486. doi: 10.1016/j.scienta.2022.111486
34. Teper-Bamnlker, P., Roitman, M., Katar, O., Peleg, N., Aruchamy, K., Suher, S., ... Eshel, D. (2022). An alternative pathway to plant cold tolerance in the absence of vacuolar invertase activity. *The Plant Journal*, *113*(2), 327–341. doi: 10.1111/tpj.16049
35. Wang, Z., Wong, D. C. J., Wang, Y., Xu, G., Ren, C., Liu, Y., ... Liang, Z. (2021). GRAS-domain transcription factor PAT1 regulates jasmonic acid biosynthesis in grape cold stress response. *Plant Physiology*, *186*(3), 1660–1678. doi: 10.1093/plphys/kiab142
36. Han, J., Li, X., Li, W., Yang, Q., Li, Z., Cheng, Z., ... Han, D. (2023). Isolation and preliminary functional analysis of FvICE1,

- involved in cold and drought tolerance in *Fragaria vesca* through overexpression and CRISPR/Cas 9 technologies. *Plant Physiology and Biochemistry*, 196, 270–280. doi: 10.1016/j.plaphy.2023.01.048
37. Waltz, E. (2016). Gene-edited CRISPR mushroom escapes US regulation. *Nature*, 532(7599), Article 293. doi: 10.1038/nature.2016.19754
  38. Waltz, E. (2016). CRISPR-edited crops free to enter market, skip regulation. *Nature Biotechnology*, 34(6), 582–583. doi: 10.1038/nbt0616-582
  39. Waltz, E. (2018). With a free pass, CRISPR-edited plants reach market in record time. *Nature Biotechnology*, 36(1), 6–7. doi: 10.1038/nbt0118-6b
  40. Waltz, E. (2022). GABA-enriched tomato is first CRISPR-edited food to enter market. *Nature Biotechnology*, 40(1), 9–11. doi: 10.1038/d41587-021-00026-2
  41. Jones, M. G. K., Fosu-Nyarko, J., Iqbal, S., Adeel, M., Romero-Aldemita, R., Arujanan, M., ... Kho, K. (2022). Enabling trade in gene-edited produce in Asia and Australasia: the developing regulatory landscape and future perspectives. *Plants*, 11, Article 2538. doi: 10.3390/plants11192538
  42. Ricroch, A., Eriksson, D., Miladinović, D., Sweet, J., Van Laere, K., & Woźniak-Gientka, E. (Eds.). (2024). *A Roadmap for plant genome editing*. Cham: Springer. doi: 10.1007/978-3-031-46150-7

UDC 577.21: 575.22: 581.6

**Volkova, N. E.** (2024). Gene-edited plants: achievements and prospects (review). *Plant Varieties Studying and Protection*, 20(1), 34–38. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.20.1.2024.300137>

*Institute of Climate-Smart Agriculture, NAAS of Ukraine, 24 Maiatska doroha St., Khibodarske village, Odesa district, Odesa region, 67667, Ukraine, e-mail: nataliia.volkova@icsanaas.com.ua*

**Purpose.** To analyze the current state of agricultural crop improvement using gene editing technologies. **Results.** The current state of plant breeding using gene editing technologies is analyzed. To date, genome editing has been applied to a wide range of crops, including wheat, barley, maize, legumes, soybean, rapeseed, tomato, chicory, various vegetable crops, fruit trees, forest trees and algae. The practical application of these technologies is illustrated by the example of genes associated with ensuring tolerance to high

and low temperatures. Examples of commercialized gene-edited plants are given. **Conclusions.** By contributing to increased yields, improved resistance to diseases and pests, and biofortification of food crops, gene editing technology undoubtedly has great prospects and is definitely already the technology for creating improved varieties of agricultural crops.

**Keywords:** gene editing; transcription factors; mutagenesis; temperature stress.

Надійшла / Received 01.03.2024  
Погоджено до друку / Accepted 11.03.2024