

ДУБРОВНА О.В.[✉], СЛИВКА Л.В.

Інститут фізіології рослин і генетики Національної академії наук України,

Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 31/17, ORCID: 0000-0002-4884-7572, 0000-0001-6133-4395

[✉] dubrovny@ukr.net, (067) 503-87-30

ФІЗІОЛОГО-БІОХІМІЧНІ ТА ГОСПОДАРСЬКІ ХАРАКТЕРИСТИКИ ТРАНСГЕННИХ РОСЛИН ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ З ГЕНОМ ОРНІТИН-Δ-АМІНОТРАНСФЕРАЗИ

Мета. Проаналізувати фізіолого-біохімічні та господарські характеристики генетично модифікованих рослин нових перспективних генотипів пшениці озимої м'якої насінневого покоління T₂ з гетерологічним геном орнітин-δ-амінотрансферази люцерни. **Методи.** *Agrobacterium*-опосередкована трансформація *in vitro*; біохімічне визначення активності ферменту орнітин-δ-амінотрансферази (ОАТ) та вмісту вільного проліну; морфометричні показники та елементи структури врожаю; математична статистика. **Результати.** З'ясовано, що наявність у трансгенних рослин додаткової копії гена *oat* призводить до підвищення активності ферменту орнітин-δ-амінотрансферази (в середньому в 1,5 раза порівняно з вихідними рослинами), проте вони суттєво не відрізняються від рослин вихідних генотипів за вмістом вільного проліну ні в нормі, ні за умов ґрунтової посухи. Встановлено, що введення в геном рослин пшениці генетичної конструкції, що підсилює експресію гена *oat*, стимулює ріст коренів як у нормі, так і за стресових умов. За умов недостатнього вологозабезпечення рослини трансгенних ліній також перевищували нетрансформовані рослини за кількістю та масою зерен із цілої рослини. **Висновки.** Аналіз фізіолого-біохімічних характеристик та господарських ознак трансгенних рослин м'якої пшениці, що містять гетерологічний ген орнітин-δ-амінотрансферази люцерни, засвідчив їх підвищену толерантність за дії ґрунтової посухи порівняно з нетрансгенними генотипами. Біотехнологічні рослини характеризуються більш розвинутою кореневою системою, що підвищило здатність рослин до зростання в умовах водного дефіциту.

Ключові слова: *Triticum aestivum*, *Agrobacterium*-опосередкована трансформація, ген орнітин-δ-амінотрансферази, фізіолого-біохімічні та господарські характеристики.

Зростаючі загрози глобальних змін клімату та збільшення частоти екстремальних погод-

них явищ вимагають розробки нових стратегій в адаптації рослин до стресів та застосування для свого вирішення нових ефективних підходів. На сьогодні одним із таких перспективних напрямів, які дають можливість підвищити ефективність створення нових генотипів культурних рослин, стійких до екологічних стресових чинників, є використання методів біотехнології, зокрема генетичної інженерії [1]. Введення в геном реципієнта невеликого числа гетерологічних генів є швидким підходом до поліпшення толерантності рослин [2]. Сучасні інженерні стратегії полягають у передачі одного чи декількох генів, які кодують або біохімічні шляхи, або кінцеві точки сигнальних шляхів [3]. Ці генні продукти забезпечують певний захист проти екологічних стресів або безпосередньо, або опосередковано. Біотехнологічні підходи дозволяють отримувати рослини пшениці з поліпшеною толерантністю до стресів на основі вже наявних, цінних із погляду сільськогосподарських характеристик, генотипів [4–6]. Вивчення фізіолого-біохімічних і господарських характеристик створених рослин має фундаментальний і практичний інтерес, оскільки може дати відповідь на питання їх адаптивної пластичності за стресових умов.

Введення екзогенного гена орнітин-δ-амінотрансферази в геном пшениці є одним із перспективних напрямів створення стійких до абіотичних стресів, зокрема посухи, рослин цієї культури. Він кодує фермент (ОАТ, КФ 2.6.1.13), який каталізує перенесення дельта-аміногрупи орнітину на альфа-кетоглутарат з утворенням пірролін-5-карбоксилату (П5К) та глутамату [7]. Потенційно орнітин-δ-амінотрансфераза може бути важливим регулятором клітинного метаболізму, оскільки реакція, що каталізується цим ферментом, пов'язує кілька біохімічних систем: цикл сечовини, цикл накопичення і деградації проліну і шлях біосинтезу поліамінів. Довгий час вважалося, що орнітин-δ-амінотрансфераза бере участь у синтезі пролі-

© ДУБРОВНА О.В., СЛИВКА Л.В.

ну під час стресу [8]. Зараз є чимало відомостей, що фермент ОАТ функціонує в альтернативному шляху метаболізму проліну в мітохондріях за стресових умов [9]. Припущення, що ген орнітин- δ -амінотрансферази пов'язаний із синтезом проліну підтверджують результати експериментів, отриманих на генетично модифікованих рослинах. Зокрема, рослини рису з підвищеною експресією гена *oat* накопичують більше проліну, ніж нетрансгенні рослини [10]. Виявлено, що експресія гена *oat* підвищує рівень стійкості трансгенних рослин пшениці до посухи і засолення [9; 11]. Інші автори у своїх роботах не виявили прямого зв'язку між експресією *oat*, концентрацією проліну та дією стресових факторів [12].

Нами шляхом *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації в культурі *in vitro* отримано трансгенні рослини 4 нових перспективних генотипів озимої м'якої пшениці (Ук 065; Ук095/17; Ук 209h; Ук 322/17), які несуть цільовий ген орнітин- δ -амінотрансферази *Medicago truncatula* та селективний – неоміцінофосфотрансферази II (*nptII*) *E.coli* [13]. Із цих рослин шляхом самозапилення отримано рослини насінневого покоління T₂, трансгенна природа яких була підтверджена за допомогою ПЛР з праймерами, специфічними до генів *oat* та *nptII*. Тому метою нашої роботи був аналіз фізіолого-біохімічних та господарських характеристик створених генотипів насінневого покоління T₂.

Матеріали і методи

Толерантність до дефіциту води в асептичних умовах аналізували на безгормональному агаризованому середовищі МС з додаванням селективного агента – маніту, що знижує зовнішній водний потенціал. Рослини з асептичної культури адаптували в ґрунт у квітні в умовах вегетаційного дослідження. Вирощування проводилося у вегетаційних посудинах об'ємом 10 л, наповнених ґрунтом. Ґрунт для вирощування брався однорідний, попередньо вимішувався, просіювався крізь сита з отвором 3 мм. Усі посудини наповнювалися однаковою кількістю ґрунту.

У половині посудин вихідні та трансгенні форми рослин вирощували за умов нормального поливу – 70% від повної вологості (ПВ). У другій половині посудин шляхом припинення поливу у фазу виходу в трубку вологість ґрунту зменшували до 30% ПВ та підтримували її на цьому рівні протягом 7 діб. Вологість ґрунту

контролювали гравіметричним методом. Після посухи рослини дослідного варіанта продовжували поливати, як і контрольні.

Біохімічні показники (активність орнітин- δ -амінотрансферази та вміст вільного проліну) вимірювали у прапорцевих листках рослин на 7 добу від початку посухи. Визначення вмісту вільного проліну в листках проводили за методикою Чинард, що ґрунтується на утворенні забарвленого продукту взаємодії L-проліну з нінгідринним реактивом, з модифікаціями [14]. Активність орнітин- δ -амінотрансферази (ОАТ) оцінювали згідно з [15] і обраховували як кількість ферменту, необхідну для отримання 1нмоль П5К за хвилину (1U) в перерахунку на 1мг білка.

Показники структури зернової продуктивності досліджуваних рослин (масу зерна з рослини, кількість зернин у колосі) визначали у фазу повної стиглості зерна. Також у цю фазу аналізували висоту рослин та довжину коренів контрольних та генетично-модифікованих рослин. Повторність визначення біохімічних та морфометричних показників – триразова.

Результати наведено у вигляді середніх значень та стандартної похибки ($m \pm SE$). Різницю між даними вважали достовірною за $p \leq 0,05$.

Результати та обговорення

Для підтвердження активності цільового гена *oat* зрілі зародки з насіння рослин T₂ висаджували на селективне середовище з 0,8М маніту для визначення рівня їх толерантності до водного дефіциту (рис.). З'ясовано, що трансгенні рослини ростуть на селективному середовищі з манітом швидше, зберігаючи яскраво-зелене забарвлення, на відміну від контрольних, які значно відставали в рості, мали блідо-зелене забарвлення і згодом гинули.

Оцінка осмотостійкості трансформантів проводилася на підставі порівняння сирової маси контрольних і трансгенних рослин, що росли 4 тижні на середовищі з високим вмістом маніту (0,8 М) і на стандартному середовищі МС (табл. 1). У якості контролю використовували нетрансгенні рослини вихідних генотипів. Встановлено, що введення конструкції рВи-ОАТ не призводить до достовірних відмінностей за масою рослин на стандартному середовищі МС, проте достовірно підвищує сиру масу трансгенних рослин на середовищі з додаванням 0,8М маніту в порівнянні з нетрансгенними формами.

Під час вирощування контрольних рослин пшениці на середовищі з манітом їх ріст поступово призупинявся, тому сира маса рослин була значно нижчою.



Рис. Фенотиповий прояв ознаки стійкості до осмотичного стресу в трансгенних рослин T₂ озимої пшениці: ріст контрольних та трансгенних рослин (лінія Ук065/2) на селективному середовищі з 0,8 М маніту.

Таким чином, осмотичний стрес достовірно знижує масу контрольних рослин і не призводить до достовірних змін сирової маси трансгенних рослин у порівнянні зі стандартними умо-

вами. Ці результати дозволяють зробити висновок, що введення генетичної конструкції, що підвищує експресію гена *oat*, призводить до підвищення осмотостійкості трансгенних рослин.

Для того, щоб безпосередньо оцінити, якою мірою введена конструкція підвищує експресію гена *oat*, було проведено дослідження активності цього ферменту в листках трансформантів покоління T₂ і у контрольних рослин вихідних генотипів (табл. 2).

Встановлено, що у варіанті, де вологість ґрунту підтримували на рівні 70% повної вологоємності, активність ОАТ у вихідних рослин була невисокою, в середньому складала 0,46±0,09 нмоль П5К/хв.*мг білка, а у трансгенних генотипів була в середньому в 1,5 раза більшою – 0,79±0,11 нмоль П5К/хв.*мг білка. На 7 день посухи активність ОАТ і у контрольних, і у трансгенних рослин підвищується порівняно з варіантом із достатнім вологозабезпеченням приблизно в 1,5–1,7 раза. При цьому у трансгенних форм вона, як і у контролі, була більшою, ніж у вихідних генотипів (у середньому у 1,5 раза). Отже, у трансгенних рослин (порівняно з контролем) спостерігали збільшення активності ОАТ як за достатнього вологозабезпечення, так і за його дефіциту, що, очевидно, зумовлено експресією чужорідного гена.

Таблиця 1. Сира маса контрольних і трансгенних рослин за фізіологічних умов та за дії 0,8 М маніту

Генотип	Сира маса рослин, на середовищі МС, мг		Сира маса рослин на середовищі МС+0,8 М маніту, мг	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Ук 065	608,2±19,3	622,4±23,4	232,2±11,2	591,5±18,7
Ук095/17	580,5±20,4	603,8±22,3	215,8±13,4	559,4±10,8
Ук 209h	578,7±19,2	598,8±21,8	221,6±17,5	548,6±16,3
Ук 322/17	604,2±16,1	612,3±22,4	233,2±18,4	595,1±19,2

Таблиця 2. Активність ферменту орнітин-δ-амінотрансферази в листках трансформантів покоління T₂ і у контрольних рослин вихідних генотипів

Генотип	Активність ферменту, нмоль П5К/хв.*мг білка			
	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Ук 065	0,41±0,08	0,73±0,09	0,68±0,07	1,18±0,12
Ук095/17	0,47±0,09	0,81±0,11	0,72±0,08	1,23±0,15
Ук 209h	0,51±0,1	0,86±0,14	0,79±0,09	1,31±0,17
Ук 322/17	0,45±0,08	0,77±0,09	0,75±0,08	1,17±0,12

Рослини генетично змінених рослин на-сінневого покоління T₂ характеризуються вмістом вільного проліну практично таким же, як і в контролі за умов нормального поливу, так і в штучно створених умовах водного дефіциту. Також виявлено, що за дії посухи і у вихідних, і у трансгенних рослин рівень L-проліну підвищувався приблизно утричі порівняно з відповідними контрольними варіантами (табл. 3). Отже, за збільшення активності ОАТ рівень вільного проліну значно не змінюється порівняно з вихідним генотипом. Таким чином, з'ясовано, що введення генетичної конструкції, яка підвищує експресію гена *oat*, не призводить до суттєвої зміни вмісту вільного проліну в листках рослин ні в нормі, ні за дії посухи.

Більш висока толерантність до водного дефіциту рослин T₂ у порівнянні з вихідними генотипами знайшла відображення в характері їх росту. В умовах водного стресу на стадії виходу в трубку середня висота вихідних рослин становила приблизно 52–55 см, а генетично змінени рослини мали середню висоту 62–65 см. Порівняльний аналіз ростових параметрів конт-

рольних та трансгенних рослин у фазу повної стиглості (табл. 4) показав, що генетично змінені генотипи переважали вихідні за цим показником на 7–10 см.

За довжиною коренів генетично модифіковані рослини у варіанті з достатнім вологозабезпеченням перевищували рослини вихідних генотипів у середньому на 5–6 см, за умов посухи – на 3–3,7 см. Слід зазначити, що рослини з добре розвинутою кореневою системою можуть мати переваги у забезпеченні водою і поживними речовинами порівняно з рослинами з меншою кореневою системою.

За кількістю зерен із колосу головного пагона різниця між трансгенними лініями та вихідними генотипами була неістотною (табл. 4). Маса зерна з колосу головного пагона у рослин трансгенних ліній за умов посухи також істотно не відрізнялася від контрольних. Водночас у трансгенних ліній кількість та маса зерен із рослини за умов посухи в середньому були достовірно вищими, ніж у вихідних генотипів.

Таблиця 3. Вміст вільного проліну в листках трансформантів покоління T₂ і у контрольних рослин вихідних генотипів

Генотип	Вміст вільного проліну, мг%/г сирової маси			
	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Ук 065	25,4±2,2	26,7±2,3	72,3±7,1	75,1±7,2
Ук095/17	30,7±2,5	31,3±2,6	85,9±7,8	90,3±8,1
Ук 209h	22,1±2,1	24,6±2,3	66,3±7,1	70,4±7,2
Ук 322/17	24,3±2,3	25,4±2,7	68,0±7,2	70,6±7,3

Таблиця 4. Ростові параметри та показники структури урожайності рослин вихідних генотипів та трансгенних ліній за умов посухи (30% ПВ)

Генотип	Головний пагін		Рослина			
	кількість зерен, шт.	маса зерна, г	кількість зерен, шт.	маса зерна, г	довжина коренів, см	висота, см
Вихідні генотипи						
Ук 065	36,6±2,2	1,05±0,08	93,7±3,7*	1,95±0,11*	8,1±0,9	78,2±3,0
Ук095/17	38,8±2,8	1,12±0,07	96,5±4,0*	2,34±0,11*	9,4±1,3	90,4±4,0
Ук 209h	37,2±3,1	1,05±0,08	89,1±4,0*	2,15±0,13*	8,9±1,0	93,1±4,1
Ук 322/17	40,1±3,6	1,13±0,07	95,7±4,1*	2,29±0,13*	9,1±1,4	87,1±4,2
Трансгенні лінії						
Ук 065	39,2±2,1	1,12±0,09	114,7±4,1*	2,30±0,12*	11,2±1,2	88,3±3,5
Ук095/17	40,8±3,0	1,18±0,09	113,4±3,8*	2,71 ±0,14*	12,5±1,1	97,4±3,7
Ук 209h	39,8±3,2	1,17±0,08	104,9±3,7*	2,54±0,15*	12,9±1,4	100,7±4,8
Ук 322/17	42,3±3,7	1,27±0,08	110,4±4,3*	2,75±0,16*	12,8±1,0	94,9±4,4

Примітки. Різниця істотна за $p \leq 0,05$; * – з вихідним генотипом.

Таким чином, проведений фізіолого-біохімічний аналіз генетично-модифікованих рослин м'якої озимої пшениці насінневого покоління T₂ з гетерологічним геном орнітин-δ-амінотрансферази. З'ясовано, що трансгенні рослини не відрізнялися від контрольних за оптимальних умов вирощування, проте в умовах осмотичного стресу вони характеризуються більш швидким характером росту порівняно з контрольними генотипами. Виявлено, що рослини T₂ відрізняються підвищеною активністю ферменту орнітин-δ-амінотрансферази як у фізіологічних умовах, так і стресових. Встановлено, що введення генетичної конструкції, яка підвищує експресію гена *oat*, не призводить до суттєвої зміни рівня вільного проліну в листках рослин ні в нормі, ні за дії ґрунтової посухи. Підвищення зернової продуктивності цілої рослини в трансгенних лініях пшениці з додатковою копією гена *oat* ми пов'язуємо з тим, що у них краще розвинена коренева система, ніж у рослин вихідних генотипів. Отже, більш потужна коренева система генетично змінених рослин сприяла їх кращій адаптації до посухи, що могло позитивно вплинути на показники структури врожаю.

Висновки

Генетично модифіковані рослини м'якої озимої пшениці насінневого покоління T₂ з гетерологічним геном орнітин-δ-амінотрансферази краще пристосовані до умов осмотичного стресу. З'ясовано, що наявність у трансгенних рослин додаткової копії гена *oat* призводить до підвищення активності ферменту орнітин-δ-амінотрансферази (у середньому в 1,5 рази порівняно з контролем), проте вони суттєво не відрізняються від рослин вихідних генотипів за вмістом L-проліну ні в нормі, ні за умов ґрунтової посухи. Трансгенні рослини мають кращу адаптаційну пластичність, оскільки за умов недостатнього вологозабезпечення рослини трансгенних ліній перевищували нетрансформовані рослини за кількістю та масою зерен із цілої рослини. Встановлено, що введення в геном рослин пшениці генетичної конструкції, що підсилює експресію гена *oat*, стимулює ріст коренів за стресових умов, що підвищило здатність рослин до зростання в умовах водного дефіциту.

References

- Hiei Y., Ishida Y., Komari T. Progress of cereal transformation technology mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. *Frontiers in Plant Sci.* 2014. Vol. 5. P. 1–11. doi.org/10.3389/fpls.2014.00628.
- Hussain J., Manan S., Ahmad S., Ahmed T., Shah M. Biotechnologies used in genetic transformation of *Triticum aestivum*: A mini overview. *Fuuast J. Biol.* 2013. Vol. 3. P. 105–109.
- Borisjuk N., Kishchenko O., Eliby S., Schramm C., Anderson P., Jatayev S., Kurishbayev A., Shavrukov Y. Genetic modification for wheat improvement: from transgenesis to genome editing. *BioMed Research International.* 2019. 18 p. doi.org/10.1155/2019/6216304.
- Dubrovna O.V., Morgun B.V. Current status of research on *Agrobacterium*-mediated wheat transformation. *Fiziol. rast. genet.* 2018. Vol. 50 (3). P. 187–217. doi.org/10.15407/frg2018.03.187. [in Ukrainian]
- Binka A., Orczyk W., Nadolska-Orczyk A. The *Agrobacterium*-mediated transformation of common wheat (*Triticum aestivum* L.) and triticale (w *Triticosecale* Wittmack): role of the binary vector system and selection Cassettes. *J. of Appl. Gen.* 2012. Vol. 53. P. 1–8. https://doi.org/10.1007/s13353-011-0064-y.
- Mamrutha H., Rakesh K., Karnam V. et al. Genetic transformation of wheat – present status and future potential. *J. of Wheat Research.* 2014. Vol. 6 (2). P. 107–119. http://epubs.icar.org.in/ejournal/index.php/JWR.
- Stránská J., Tylichová M., Kopečný D., Snégaroff J., Sebela, M. Biochemical characterization of pea ornithine-δ-aminotransferase: substrate specificity and inhibition by di- and polyamines. *Biochimie.* 2010. Vol. 92. P. 940–948. doi: 10.1016/j.biochi.2010.03.026.
- Anwar A., She M., Wang K., Riaz B., Ye X. Biological Roles of Ornithine Aminotransferase (OAT) in Plant Stress Tolerance: Present Progress and Future Perspectives. *International Journal of Molecular Sciences.* 2018. Vol. 19. P. 3681. doi: 10.3390/ijms19113681.
- Anwar A., She M., Wang K., Ye X. Cloning and molecular characterization of *Triticum aestivum* ornithine amino transferase (TaOAT) encoding genes. *BMC Plant Biol.* 2020. Vol. 20. P. 187. https://doi.org/10.1186/s12870-020-02396-2.
- Roosens N. H., Bitar F. A., Loenders K. Overexpression of ornithine-aminotransferase increases proline biosynthesis and confers osmotolerance in transgenic plants. *Mol. Breed.* 2002. Vol. 9 (2). P. 73–80. https://doi.org/10.1023/A%3A1026791932238.
- Vendruscolo E. C., Schuster I., Pileggi M., Scapim C. A., Molinari H. B., Marur C. J., Vieira L. G. Stress-induced synthesis of proline confers tolerance to water deficit in transgenic wheat. *Plant Physiol.* 2007. Vol 164 (10). P. 1367–1376. https://doi.org/10.1016/j.jplph.2007.05.001.
- Funck D., Stadelhofer B., Koch W. Ornithine-delta-aminotransferase is essential for arginine catabolism but not for proline biosynthesis. *BMC Plant Biol.* 2008. Vol. 8. P. 40. doi: 10.1186/1471-2229-8-40.

13. Slivka L.V., Dubrovna O.V. Genetic transformation of new perspective winter wheat genotypes in vitro. *Factors of experimental evolution of organisms*. 2020. Vol. 26. P. 270–275. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v26.1278>. [in Ukrainian]
14. Andriushchenko V.K., Saianova V.V., Zhuchenko A.A., D'iachenko N.I., Chilikina L.A., Drozdov V.V., Korochkina S.K., Cherep G.I., Medvedev V.V., Niutin Iu.I. Modification of the method for determining proline to identify drought-resistant forms of the genus *Lycopersicon* Tourn. *Izvestiia Akademii Nauk Moldavskoi SSR*. 1981. Vol. 4. P. 55–60. [in Russian]
15. Madan S., Nainawatee H.S., Jain R.K. Proline and proline metabolizing enzymes *in-vitro* selected NaCl-tolerant. *Ann Bot*. 1995. Vol. 76 (1). P. 51–57. <https://www.jstor.org/stable/42764614>.

DUBROVNA O.V., SLIVKA L.V.

Institute of Plant Physiology and Genetics of the Natl. Acad. of Sci. of Ukraine, Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylkivska str., 31/17

PHYSIOLOGICAL, BIOCHEMICAL AND ECONOMIC CHARACTERISTICS OF TRANSGENIC WINTER WHEAT PLANTS WITH GENE ORNITHIN- δ -AMINOTRANSFERASES

Aim. To analyze the physiological, biochemical and economic characteristics of genetically modified plants of new promising genotypes of winter bread wheat of seed generation T2 with the heterologous gene of ornithine- δ -aminotransferase of alfalfa. **Methods.** Agrobacterium-mediated transformation in vitro; biochemical determination of the activity of the enzyme ornithine- δ -aminotransferase (OAT) and the content of free L-proline; morphometric indicators and elements of crop structure; mathematical statistics. **Results.** It was found that the presence of additional copies of the oat gene in transgenic plants leads to increased activity of the enzyme ornithine- δ -aminotransferase (on average 1.5 times compared to the original plants), but they do not differ significantly from plants of the original genotypes in free L-Proline is neither normal nor under conditions of soil drought. It has been shown that the introduction into the genome of wheat plants of a genetic construct that enhances the expression of the oat gene stimulates root growth both under normal and stressful conditions. Under conditions of insufficient moisture supply, plants of transgenic lines also exceeded untransformed plants in the number and weight of grains from the whole plant. **Conclusions.** Analysis of physiological and biochemical characteristics and economic characteristics of transgenic soft wheat plants containing the heterologous gene of ornithine- δ -aminotransferase of alfalfa showed their increased tolerance to soil drought compared to non-transgenic genotypes. Biotechnological plants are characterized by a more developed root system, which increased the ability of plants to grow in conditions of water scarcity.

Keywords: *Triticum aestivum*, Agrobacterium-mediated transformation, ornithine- δ -aminotransferase gene, physiological, biochemical and economic characteristics.