

МИХАЛЬСЬКИЙ Л. О.

*Інститут фізіології рослин і генетики Національної академії наук України,
Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 31/17, ORCID: 0000-0001-8835-0862, leonid.mykhalsky@gmail.com*

ТЕХНОЛОГІЇ МОДИФІКАЦІЙ ГЕНОМУ РОСЛИН ТА ДЕЯКІ АСПЕКТИ ЇХ ПРАКТИЧНОГО ВИКОРИСТАННЯ

Мета. Проаналізувати сучасні методи модифікації геному рослин на прикладі зернових і оцінити перспективи їх використання та практичне значення. **Методи.** Проведено огляд доступних наукових джерел та електронних ресурсів, які містять дані про наявні та перспективні методи генетичної модифікації зернових. **Результати.** Нові технології генетичних рекомбінацій, що були розроблені в останні десятиліття, дозволяють змінювати геном рослин у певних визначених дослідником сайтах. Це відкрило безпрецедентні можливості як у фундаментальному плані, так і в цілому ряді прикладних аспектів для вивчення функцій конкретних генів і спрямованого підвищення продуктивності рослин та їх деяких властивостей. **Висновки.** Суттєвий науковий інтерес та практичне значення мають деякі сучасні нові технології модифікації геному рослин. Використання цих технологій надзвичайно важливе у багатьох практичних напрямках, особливо для пшениці та ячменю, як найбільш агрономічно важливих зернових культур у світі. Модифікації геному сільськогосподарських культур потребують суттєвої уваги в аспектах їх безпечності та законодавчого регулювання практичного використання. Інформація про сучасні методи модифікації геному рослин та напрямки їх використання має бути обов'язковим елементом в учбових курсах із сучасної біотехнології в профільних навчальних закладах.

Ключові слова: генетична трансформація, пшениця, ячмінь, правове регулювання.

Рослини вирощуються вже більш як 10 000 років як їжа для людини та тварин, і як джерела сировини та для одержання енергії. Одомашнення та розведення культурних рослин змінювались відповідно до умов оточуючого середовища і потреб людини. Ріст населення призводить до зростання попиту на продукти харчування, а тому виникає потреба суттєвого збільшення об'ємів виробництва. Значний вплив на вирощування рослин справляють зміни клі-

матичних умов довкілля, тобто рослини у майбутньому мають бути краще адаптовані до жорстких погодних умов. Окрім того, зростають вимоги суспільства: їжа має бути більш якісною, різноманітною та здоровою. Але при цьому теж суспільство намагається суттєво скоротити використання добрив та пестицидів [1].

Одомашнення та селекція спочатку базувалися виключно на появі спонтанних мутацій і рекомбінаціях тих генетичних варіантів, які утворились. Значно пізніше почали використовувати обробку іонізуючим опроміненням або мутагенну дію певних хімічних речовин. Це призвело до суттєвого росту частоти мутацій, що значно розширило генетичне різноманіття сільськогосподарських культур.

Відомо, що в природі мутації з'являються спонтанно і ті зміни, які надають переваги у цих умовах, найімовірніше будуть переважати. Однак для сучасної селекції рослин рівень спонтанних мутацій дуже низький, щоб задовольнити потреби у покращенні сільськогосподарських культур. Більше того, природа спонтанних мутацій непередбачувана як за своєю локалізацією, так і за результативністю змін азотистих основ. У 30-х роках минулого століття дослідники почали застосовувати хімічний мутагенез, наприклад під дією етилметансульфонату, або іонізуюче опромінення. Селекція з індукованим мутагенезом до сьогодні дала близько 3000 зареєстрованих сортів [2], але для ще більшої кількості інших сортів не зареєстровано, які індуковані мутації вони успадковували. При використанні цієї технології тисячі мутацій відбуваються одночасно в різних ділянках геному однієї рослини. Відповідно, величезну кількість небажаних мутацій потрібно видаляти складними методичними процедурами зворотного схрещування [3]. Тому було розроблено метод спрямованих індукованих локальних вражень у геномах (TILLING), який став значно прогресивнішим у виявленні та ідентифікації індукованих і спонтанних мутацій у відомих генах [4].

© МИХАЛЬСЬКИЙ Л. О.

У 80-х роках 20 ст. було розроблено метод перенесення генів з використанням *Agrobacterium tumefaciens*. Відтоді стало можливим ввести в геном рослин гени, які одержані від неспоріднених організмів або генетично модифіковані варіанти генів. Цей метод трансформації дозволяє швидше і більш цілеспрямовано модифікувати або привносити в геном рослин гени, які визначають певні характеристики. Але ця технологія має суттєві обмеження, насамперед тому, що перенесений ген інтегрується у геном у випадковому місці та те, що зміни у власних генах рослин можливі тільки в обмеженій мірі. Крім того, сайт вставки в геном також визначає, чи буде ефективно експресуватись введений ген і, відповідно, в якій мірі буде змінена ознака. Окремо потрібно відмітити, що не всі рослини в однаковій мірі ефективно можна трансформувати з допомогою *Agrobacterium*. Насамперед, це відноситься до зернових видів і, в загальному, до однодольних [5].

Згодом були розроблені нові методи модифікації геному рослин, насамперед технологія точного сайт-специфічного, а не випадкового редагування генів, в основі якого є згруповані короткі паліндромні повтори з регуляторними проміжками CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats). CRISPR містять некодувальні РНК, що специфічно зв'язуються з ДНК і білки Cas (CRISPR-associated), які спричиняють розриви в нуклеотидних послідовностях ДНК. При цьому механізм відновлення геному запускає систему редагування (інактивування) гена у місці розриву за типом мутації інсерції / делеції. Місце пошкодження точно встановлюють за допомогою РНК, що дає змогу інактивувати саме потрібні гени. Крім того в місце розриву можна вводити послідовність ДНК для посилення функціональності гена [6]. На сьогодні цей метод дуже широко використовується через високу ефективність, його вважають потенційно «реальною силою» у редагуванні генів насамперед найбільш важливих злакових культур – пшениці та ячменю.

Пшениця (*Triticum aestivum*) і ячмінь (*Hordeum vulgare*) є одними із найважливіших зернових культур. Серед всіх культур пшениця займає найбільші площі посівів, а ячмінь – одна з найстаріших одомашнених культур і займає четверте місце з-поміж зернових культур. Пшениця має дуже складний геном розміром близько 17 Gbp. Тільки недавно геном пшениці був повністю розшифрований і ці дані стали загальнодоступними [7]. Пшениця є алогексаплоїдом,

її геном складається з трьох різних субгеномів А, В і D, кожен з яких еквівалентний геному диплоїдної рослини. Це призводить до складності у застосуванні різних методів генетичних маніпуляцій, оскільки будь-яке редагування може призвести до одержання гомозиготних, гетерозиготних і химерних мутантів. Попри необхідність редагування кожної копії цільового гена результати багатьох досліджень свідчать про успішне застосування CRISPR для зміни чи коригування важливих господарсько-цінних ознак, насамперед, стійкість до біотичних та абіотичних стресів, врожайність, якість зерна та ін.

На сьогодні розроблено декілька нових методів для перенесення генів у клітини рослин, що можуть бути використані для підтримки сайт-направленої модифікації геному рослин. Необхідність розробки і застосування цих методів пов'язано з тим, що одержання стабільних трансгенів є особливою проблемою для зернових культур. Агробактеріальна трансформація для них є малоефективною, оскільки однодольні не є природними господарями цих бактерій. Окрім цього утворення придаткових пагонів із експлантатів листя чи пагона, яке легко досягається при трансформації більшості дводольних рослин, рідко були успішними для злаків [8]. На основі спеціальних методологічних підходів було показано, що генетична трансформація пшениці та ячменю можлива для окремих відібраних зразків, у першу чергу, окремих сортів та селекційних ліній. Окрім того, для більш стабільного перенесення ДНК в зернових найбільш широко використовуються незрілі зиготичні зародки. Важливо відмітити, що такі ембріони повинні бути на початковій стадії розвитку. У незрілих зародках пшениці та ячменю найбільш сприйнятливі до трансформації клітини переважно розташовані в зоні апікальної меристеми пагона та щитка. Стабільні трансгенні рослини пшениці та ячменю було одержано у 90-х роках 20 ст. шляхом балістичного перенесення частинок золота, вкритих плазмідами, у клітини незрілих ембріонів [9]. У ячменю на сьогодні стабільні трансгенні рослини отримують з більш ніж 10 % інокульованих незрілих зародків. Для пшениці ефективність агробактеріальної трансформації і балістичного перенесення ДНК складає до 5 %. Було опубліковано експериментальні протоколи генетичної трансформації пшениці з більш високою ефективністю [10]. При вивченні багатьох генотипів було показано, що ефективність трансформації суттєво залежить

від модельних ліній рослин. У дослідженнях показано, що Cas9-індукований мутагенез ячменю практично без виключень базувався на передачі ДНК в агробактеріальній трансформації, а сайт-спрямований мутагенез пшениці в основному здійснювався балістичним перенесенням генів [11].

У літературі описано цікавий принцип перенесення ДНК у клітини злаків – використання незрілого одноклітинного пилку (мікроспор), який може піддаватись клітинній проліферації і ембріогенному розвитку в сприятливих умовах культивування [12]. Оскільки пилок складається із гаплоїдних клітин, то гомозиготні трансгенні рослини можуть бути одержані безпосередньо перенесенням ДНК та дуплікацією геному. Агробактеріальне перенесення ДНК у культурі пилку було показано для сортів озимого ячменю. Подібний метод трансформації описано і для пшениці, але з використанням балістичного перенесення ДНК.

Різноманіття генетичної трансформації рослин розширено за рахунок розробки цілого ряду методів тимчасової експресії генів. Найбільш широко використовується метод трансфекції ізольованих протопластів мезофілу, плазматична мембрана яких стає більш проникною під дією поліетиленгліколю. Це дозволяє трансгенній плазмідній ДНК, або транскрибованій *in vitro* РНК, або бактеріальному білку Cas або рибонуклеопротеїновим комплексам ефективно захоплюватися протопластами. Це продемонстровано на пшениці та ячмені [13, 14]. Функціональна активність перенесених елементів може бути перевірена після ампліфікації області-мішені геному з використанням аналізу T7E1, методом Сенгера або глибокого секвенування. Іншим методом перевірки функціональності перенесених конструкцій gRNA і Cas заснований на балістичній трансформації епідермісу листя. Епідермальні клітини порівняно добре підходять для мікроскопічного скринінгу, наприклад, для відновлення конструкції репортерного гену, що індукована Cas.

Як альтернативу експресії ДНК, що кодує gRNA і Cas, транскрибована *in vitro* РНК або білок Cas можуть бути перенесені у клітини рослин для внесення специфічних модифікацій в геном. Використання попередньо продукованих РНК і білкових молекул або їх комплексів має переваги перед ДНК у тому, що їх ефективна кількість не залежить від профілів експресії і сили промоторів у клітині рослин. Окрім того, активність таких компонентів обмежена в часі,

оскільки вони не доставляються безперервно внаслідок експресії генів і піддаються внутрішньоклітинній деградації. На прикладі гена *GW2* пшениці було показано, що перенесення транскрибованої *in vitro* РНК, яка кодує як gRNA, так і Cas9 призводить до мутацій у 1% балістично трансформованих клітин [15]. Близько третини одержаних рослин були мутантні у всіх шести копіях гексаплоїдного геному пшениці.

Використання технології ендонуклеаз Cas для пшениці та ячменю відкриває широкі спектри можливостей, проте є суттєві обмежуючі фактори, насамперед особливу проблему представляє власне генетична трансформація зернових. У напрямку розробки нових та поліпшення існуючих способів перенесення ДНК в клітини злаків слід враховувати, що уже розроблено цілий ряд нових методів, але їх ще не використовують для застосування ендонуклеаз Cas. Найбільш відомий приклад – використання ізольованих мікроспор або ембріогених культур пилку, одержаних з них, для перенесення ДНК з використанням *Agrobacterium*, балістики або електропорації. Крім того, коли заходить мова про розробку нових методів, то особливу увагу слід приділяти тому факту, що вони повинні бути застосовані для широкого спектру генетичних особливостей культур, що є обмежуючим фактором для існуючих на сьогодні методів. З іншої сторони, особливі переваги технології ендонуклеаз Cas можуть бути використані тільки тоді, коли можна буде напряму модифікувати будь-який генотип рослин та вирішити проблему генетичного зв'язування бажаних алелей з небажаними. У цьому аспекті для регенерації *in vitro* пшениці і ячменю сьогодні перспективним виглядає метод розщеплення та культивування зародків. Для агробактеріального перенесення ДНК у культуру зародків, коли Т-ДНК переноситься в малоклітинні проембріони, показано, що цей метод має досить низьку залежність від генотипу [16].

Оскільки кожна характеристика рослин визначається генетично, то технології генетичних рекомбінацій мають забезпечити можливість покращити будь-яку з них, особливо ту, яка визначає її корисність. Здатність ендонуклеаз Cas повністю виключати певну функцію гена робить цю технологію привабливою для звільнення сільськогосподарських культур від токсичних, канцерогенних, алергенних або неприємних на смак генних продуктів або їх метаболітів. Для пшениці, наприклад, це вирішення питання глютену, який міститься в зерні і впливає

на непереносимість глютену та на хлібопекарські властивості муки. Завдяки використанню ендонуклеаз Cas було одержано лінії твердих сортів пшениці з нокаутними мутаціями генів [17]. Це призвело до зниження рівня імунодомінантних імуногенних молекул і зниження імунореактивності на 85 %. Ще одна із перспективних можливостей використання технології ендонуклеаз Cas пов'язана з тим, що більшість сучасних сортів твердої пшениці мають мутацію в гені переносника важких металів, що призводить до зв'язування, наприклад, кадмію коренями і накопичення цього токсичного елемента в зерні, що впливає на здоров'я людини. Відновлення відповідного алеля дикого типу було б значним досягненням у підвищенні якості зерна. На прикладі картоплі та рису було продемонстровано можливість змінити якість крохмалю шляхом модуляції біосинтезу основних компонентів крохмалю – амілози і амілопектину [18]. Крохмаль, що не містить амілози має високу цінність для паперової та хімічної промисловості, а крохмаль із зниженим вмістом амілопектину є стійким крохмалем і його особливі ниткоподібні властивості здатні протидіяти діабету 2 типу – сучасній проблемі нашої цивілізації. Перспективними виглядають також напрямки модифікації багатьох різних генів за один етап, наприклад, щоб впливати на складні процеси, такі як фотосинтез [19].

У дослідженнях пшениці та ячменю ендонуклеази Cas в основному використовувались для дослідження функцій генів шляхом нокауту, для модифікації вмісту метаболітів і підвищення стійкості до грибкових та деяких вірусних хвороб. Ці роботи підтверджують великий потенціал вказаної технології для фундаментальних досліджень і селекції. Разом із іншими сучасними технологіями генетичних рекомбінацій відкривають додаткові можливості створення функціональних варіантів генів й нових високопродуктивних, стійких сортів і ліній сільськогосподарських культур.

Одночасно із розвитком технологій модифікацій геномів рослин, науковці, політики та суспільство в цілому вирішували питання наслідків від впровадження цих технологій. У першу чергу постало питання регуляції використання рослин, які несуть чужорідні генетичні елементи у своєму геномі або мають сайт-специфічні мутації у ньому.

У США існують чіткі норми регулювання так званої зеленої біотехнології [20]. Із середини 1980-х років існує нормативна база для рослин

із рекомбінантною ДНК. Вона постійно удосконалюється і стає все більш складною через велику кількість відповідних досліджень і тривалих періодів прийняття рішень. Основну увагу у законодавчих нормах США приділяється кінцевому продукту, але у них значна увага приділена і процесам рекомбінацій. Генетично модифіковані рослини повинні проходити спеціальні процедури затвердження. Але ці процедури різні для рослин, що трансформовані з використанням рослинного патогена *Agrobacterium tumefaciens*, і рослин, що трансформовані балістично. Якщо рослини з ідентичними ознаками вирощуються без генно-інженерних маніпуляцій, то спеціального регулювання їх використання не проходить. Для рослин, що одержані з використанням індивідуальної технології ендонуклеаз, існує спеціальний підхід до їх затвердження та регулювання використання. З 2017 року йде перегляд регламентів зеленої біотехнології. Основний акцент регулювання спрямований на процес одержання трансгенів. Регулювання не здійснюється до процесів цільової модифікації геному, які викликані делеціями або змінами азотистих основ, чи цільової інтеграції фрагментів ДНК, якщо таке можливе при звичайному розведенні, традиційному мутагенезі або навіть без втручання людини. У селекції рослин підвищення сайт-специфічності в порівнянні з методами ненаправленого мутагенезу викликає особливе занепокоєння і в цьому аспекті особлива відповідальність за результати такої роботи покладено на наукове співтовариство.

Європейські Директиви рекомендують політикам не регулювати рослини, вільні від трансгенів, але несуть сайт-специфічні модифікації геномів. Існують рекомендації переглянути європейське законодавство з генної інженерії в ракурсі регулювання продукту, а не процесів селекції. Окремо обговорюється питання міжнародної сумісності регулювання особливо з врахуванням того, що, наприклад в США, сайт-спрямований мутагенез взагалі не регулюється як генна інженерія. Згідно Директиви ЄС для польових досліджень рослин, які несуть цільові мутації, вимагається спеціальний дозвіл і відповідно застосування таких сортів вимагає спеціальних процедур затвердження.

У багатьох країнах на сьогодні взагалі не приймаються рішення про те, як регулювати використання рослин, одержаних методами впливу на їх геном, наприклад, ендонуклеазами. В Україні згідно Закону № 1103-V від

31.95.2007 року «Про державну систему біобезпеки при створенні, випробуванні, транспортуванні та використанні генетично модифікованих організмів» генетично модифікованим організмом є будь-який організм, у якому генетичний матеріал був змінений за допомогою штучних прийомів переносу генів, які не відбуваються у природних умовах. Обов'язковою умовою використання таких організмів у відкритій системі є наявність методів і методик їх ідентифікації. Заборонено їх вивільнення у навколишнє середовище, окрім випадків випробувань, промислове виробництво та введення в

обіг насіння і садивного матеріалу, а також продукції, виробленої із застосування трансгенних рослин до їх державної реєстрації та деякі інші обмеження. Окремо потрібно підкреслити, що на цей час в Україні немає жодної офіційно зареєстрованої генетично модифікованої рослини і жодного сорту до Державного реєстру не включено. На сьогодні внесено проект нового Закону України № 5839 від 05.08.2021 р., який, як сподіваються, врегулює цілий ряд положень про використання трансгенних рослин у відповідності з міжнародними нормами.

References

- Ronald P. Plant genetics, sustainable agriculture and global food security. *Genetics*. 2011. Vol. 188. P. 11–20. doi: 10.1534/genetics.111.128553.
- Sovová T., Kerins G., Demnerová K., Ovesná J. Genome Editing with Engineered Nucleases in Economically Important Animals and Plants: State of the Art in the Research Pipeline. *Curr. Issues Mol. Biol.* 2017. Vol. 21 (1) P. 41–62. doi: 10.21775/cimb.021.041.
- Parry M. A. J., Madgwick P. J., Bayon C., Tearall K., Hernandez-Lopez A., Baudo M., Rakszegi M., Hamada W., Al-Yassin A., Ouabou H. Mutation discovery for crop improvement. *J. Exp. Bot.* 2009. Vol. 60. P. 2817–2825. doi: 10.1093/jxb/erp189.
- McCallum C. M., Comai L., Greene E. A., Henikoff S. Targeting Induced Local Lesions IN Genomes (TILLING) for Plant Functional Genomics. *Plant Physiol.* 2000. Vol. 123. P. 439–442. doi: 10.1104/pp.123.2.439.
- Kumlehn J., Hensel G. Genetic transformation technology in the Triticeae. *Breed. Sci.* 2009. Vol. 59. P. 553–560.
- Jinek M., Chylinski K., Fonfara I., Hauer M., Doudna J. A., Charpentier E. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science*. 2012. Vol. 337. P. 816–821. doi: 10.1126/science.1225829.
- Ramírez-González R. H., Borrill P., Lang D., Harrington S. A., Brinton J., Venturini L., Davey M., Jacobs J., van Ex F., Pasha A., Uauy C. The transcriptional landscape of polyploid wheat. *Science*. 2018. Vol. 361 (6403). doi: 10.1126/science.aar6089.
- Zhang L., Zhao G., Jia J., Liu Xu., Kong X. Molecular characterization of 60 isolated wheat MYB genes and analysis of their expression during abiotic stress. *Journal of Experimental Botany*. 2012. Vol. 63 (1). P. 203–214. doi: 10.1093/jxb/err264.
- Rushton D. L., Tripathi P., Rabara R. C., Lin J., Ringler P., Boken A. K., Langum T. J., Smidt L., Boomsma D. D., Emme N. J., Chen X., Finer J. J., Shen Q. J. WRKY transcription factors: key components in abscisic acid signaling. *Plant Biotechnol. J.* 2012. Vol. 10 (1). P. 2–11. doi: 10.1111/j.1467-7652.2011.00634.x.
- Ishida Y., Tsunashima M., Hie, Y., Komari T. Wheat (*Triticum aestivum* L.) transformation using immature embryos. *Methods Mol. Biol.* 2015. Vol. 1223. P. 189–198. doi: 10.1007/978-1-4939-1695-5_15.
- Daghma D. E. S., Hensel G., Rutten T., Melzer M., Kumlehn J. Cellular dynamics during early barley pollen embryogenesis revealed by time-lapse imaging. *Front. Plant Sci.* 2014. Vol. 5. P. 675. doi: 10.3389/fpls.2014.00675.
- Otto I., Muller A., Kumlehn J. Barley (*Hordeum vulgare* L.) transformation using embryogenic pollen cultures. *Methods Mol. Biol.* 2015. Vol. 1223. P. 85–99. doi: 10.1007/978-1-4939-1695-5_7.
- Wang Y., Cheng X., Shan Q., Zhang Y., Liu J., Gao C., Qiu J.-L. Simultaneous editing of three homoeoalleles in hexaploid bread wheat confers heritable resistance to powdery mildew. *Nat. Biotechnol.* 2014. Vol. 32. P. 947–951. doi: 10.1038/nbt.2969.
- Gerasimova S. V., Korotkova A. M., Hertig C., Hiekel S., HOFFIE R., Budhagatapalli N., Otto I., Hensel G., Shumny V. K., Kochetov A. V. et al. Targeted genome modification in protoplasts of a highly regenerable Siberian barley cultivar using RNA-guided Cas9 endonuclease. *Vavilovskii Zhurnal Genet. i Seleksii*. 2019. Vol. 22. P. 1033–1039.
- Bae S., Kweon J., Kim H. S., Kim J.-S. Microhomology-based choice of Cas9 nuclease target sites. *Nat. Methods*. 2014. Vol. 11. P. 705–706. doi: 10.1038/nmeth.3015.
- Hensel G., Himmelbach A., Chen W., Douchkov D. K., Kumlehn J. Transgene expression systems in the Triticeae cereals. *J. Plant Physiol.* 2011. Vol. 168. P. 30–44. doi: 10.1016/j.jplph.2010.07.007.
- Xie K., Yang Y. RNA-guided genome editing in plants using a CRISPR-Cas system. *Mol. Plant*. 2013. Vol. 6. P. 1975–1983. doi: 10.1093/mp/sst119.
- Sun Y., Jiao G., Liu Z., Zhang X., Li J., Guo X., Du W., Du J., Francis F., Zhao Y., Xia L. Generation of High-Amylose Rice through CRISPR / Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Starch Branching Enzymes. *Front. Plant. Sci.* 2017. Vol. 8. P. 298. doi: 10.3389/fpls.2017.00298.
- Zhang Y., Bai Y., Wu G., Zou S., Chen Y., Gao C., Tang D. Simultaneous modification of three homoeologs of TaEDR1 by genome editing enhances powdery mildew resistance in wheat. *Plant J.* 2017. Vol. 91. P. 714–724. doi: 10.1111/tbj.13599.
- E.A.S.A. Council Genome Editing: Scientific Opportunities, Public Interests and Policy Options in the European Union; EA-SAC Secretariat Deutsche Akademie der Naturforscher Leopoldina German National Academy of Sciences: Halle, Germany, 2017. P. 34.

MYKHALSKYI L. O.

*Institute of Plant Physiology and Genetics of National Academy of Sciences of Ukraine,
Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylkivska str., 31/17*

PLANT GENOME MODIFICATION TECHNOLOGIES AND SOME ASPECTS OF THEIR PRACTICAL USE

Aim. To analyze modern methods of plant genome modification on the example of cereals and to evaluate the prospects of their use and practical significance. **Methods.** A review of available scientific sources and electronic resources containing data on existing and promising methods of genetic modification of cereals was conducted. **Results.** During the entire time of its development, mankind solved the issue of creating more productive agricultural crops that were adapted to the climatic conditions of existence. For this, domestication and selection based on spontaneous mutations were traditionally used. New technologies of genetic recombination, which have been developed in recent decades, make it possible to change the genome of plants in certain sites determined by the researcher. This has opened up unprecedented opportunities both in fundamental terms and in a whole range of applied aspects for elucidating the functions of specific genes and targeted improvement of the productivity of plants and some of their properties. **Conclusions.** Some modern new technologies of plant genome modifications are of significant scientific interest and practical importance. The use of these technologies is extremely important in many practical areas, especially for wheat and barley as the most agronomically important cereal crops in the world. Genome modifications agricultural crops require significant attention in terms of their safety and legal regulation of practical use. Information about modern methods of plant genome modification and directions for their use should be a mandatory element in educational courses on modern biotechnology in specialized educational institutions.

Keywords: genetic transformation, wheat, barley, legal regulation.