

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ТОМАТА И ЕЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В ГЕНЕТИКО- СЕЛЕКЦИОННЫХ ИССЛЕДОВАНИЯХ



Бочарникова Н.И. – доктор с.-х. наук, зав. сектором овощеводства и картофелеводства, Россельхозакадемия, Москва

Россия, 117218, ГСП-7, г. Москва, ул. Кржижановского, 15, кор.2.
Тел.: +7(495) 124-79-31; тел./факс: +7 (495) 124-78-76

Создание и сохранение идентифицированных генетических коллекций, включающих геноносители хозяйственно ценных признаков, мутанты (трисомики, маркерные мутанты с нехватками, инверсиями, транслокациями и др.), дикие виды и полукультурные разновидности, местные сорта (с высокой адаптацией к различным факторам среды), являются необходимыми для повышения эффективности селекционно-генетических исследований.

Ключевые слова: томат, генколлекции, мутантные формы, селекция

Широкое использование генофонда растений Н.И. Вавилов (1935) рассматривал как один из важных разделов генетических основ селекции. В мобилизации генофонда растений лежат крупнейшие общебиологические и эволюционно-генетические обобщения: закон гомологических рядов; учение о центрах происхождения культурных растений и о закономерностях географического распространения их генов; учение о линейном виде как системе иерархически соподчиненных единиц; эволюционно-генетическая концепция иммунитета растений.

В настоящее время большое внимание уделяется ревизии генофонда высших растений с целью введения в культуру новых видов и экотипов, в связи с чем особую важность приобретают принципы привлечения в коллекции диких видов, полукультурных



разновидностей, мутантных форм и местных сортов культурных растений. Актуальность такого направления мобилизации мировых растительных ресурсов обусловлена постановкой новых задач в селекции. Одним из условий включения потенциальной генетической изменчивости культурных, полукультурных и диких видов томата является разработка принципов создания коллекций, их правильная организация и классификация на группы, качественно отличающиеся по специфике источников и маркирования имеющейся генетической изменчивости. Трудным вопросом при создании генетических коллекций является обеспечение репрезентативного генетического разнообразия.

Хотя многие виды представлены в генбанках сотнями и даже тысячами образцов, всесторонне изучены из них лишь немногие. Из 3,0 млн. генотипов, имеющихся в генбанках мира,

CLASSICAL MAP

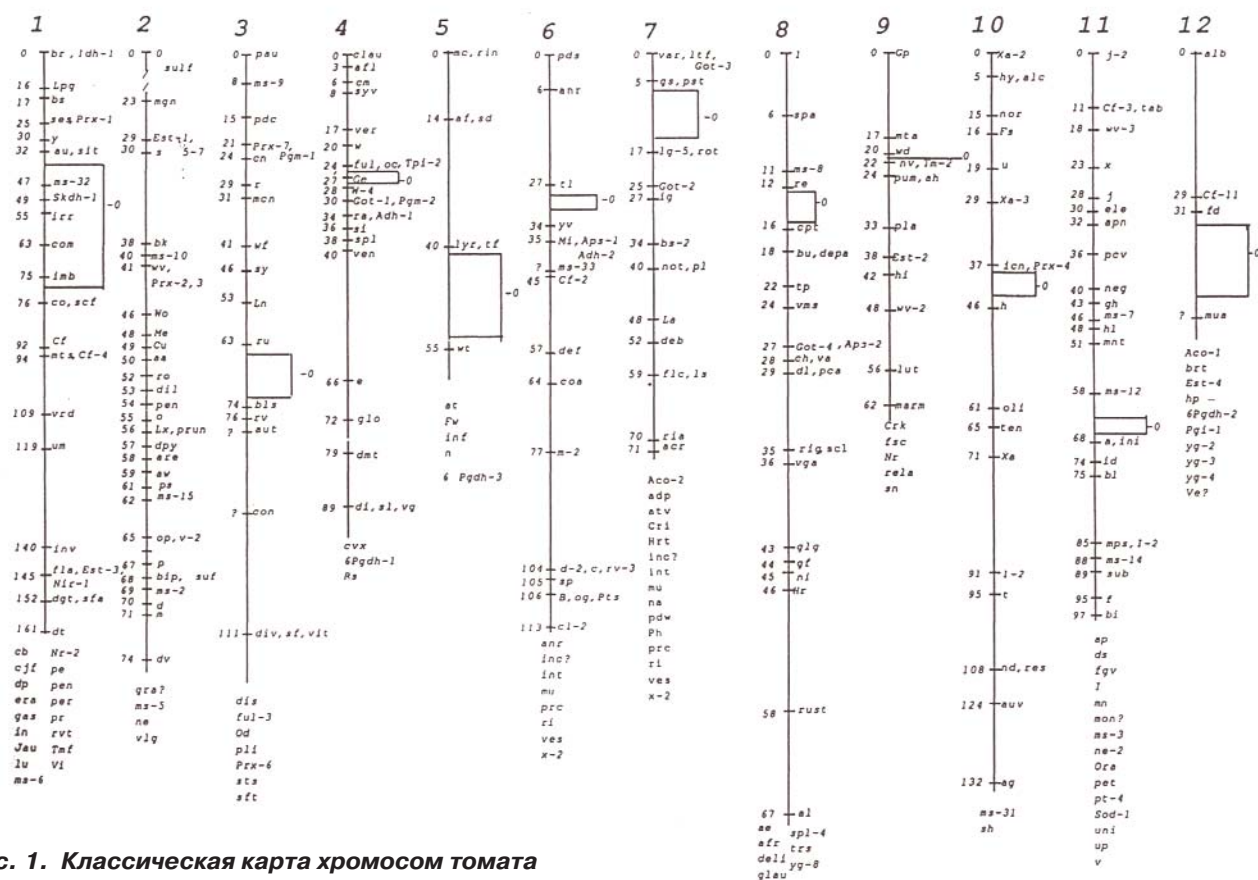


Рис. 1. Классическая карта хромосом томата (Tanksley, Mutschler, 1989)

паспортные данные отсутствуют у 65%, нет характеристик у 85%, а оценочных данных – у 95% генотипов. Лишь 1% образцов всей мировой коллекции имеет удовлетворительные оценочные данные. Подобная ситуация приводит к тому, что лишь небольшая часть (в пределах 10%) генетических коллекций активно используется в селекции (Dragavtsev, Pecshek, 1977). Поэтому помимо сбора, хранения признаков и генетических коллекций растений важно обеспечить идентификацию необходимых селекционерам доноров хозяйственно ценных и адаптивно значимых признаков.

Важной и сложной задачей в использовании мировых растительных ресурсов для сельского хозяйства является создание генетических коллекций идентифицированных доноров устойчивости растений к температурному, водному и эдафическому стрессорам, а также к болезням, вре-

дителям и сорнякам. О важности этого направления свидетельствует тот факт, что из-за действия экологических стрессоров потенциальная урожайность современных сортов и гибридов реализуется в среднем лишь на 20-30%. Кроме того, по мере истощения возможностей техногенной оптимизации агроэкосистем все большее влияние на вариабельность величины и качества урожая будут оказывать нерегулируемые факторы внешней среды (Жученко, 2001).

Создание и сохранение идентифицированных генетических коллекций является необходимым условием для повышения эффективности селекционно-генетических исследований. Крупные мутантные коллекции по культурам созданы в Голландии, Германии, США и др. Однако, «банки генов» не всегда имеют идентифицированные маркерные локусы, так как именно наличие разнесенных по хромосомам генов, отвечающих за мор-

фологические, адаптивные и хозяйственные признаки, необходимы для исследований и селекции.

Lindstrom, Humphrey (1932) получили первые 6 рецессивных мутаций у томата при облучении семян радием, а McArthur (1934) 43 мутации – рентгеновскими лучами. Barton (1954), обрабатывая пыльцу томата ультрафиолетовыми лучами, в F₂ получил 37% мутантных растений.

Большая работа проведена Stubbe (1965, 1971) по индуцированию мутантов. Получено и проанализировано в общей сложности более 300 мутантов культурного томата и около 200 мутантов *L. esculentum* var. *pimpinellifolium*.

Широкое использование гибридной селекции и мутагенных факторов значительно увеличило число новых мутантов томата, что позволило к настоящему времени создать полные карты групп сцепления генов по всем 12 хромосомам (Tanksley, Mutschler,



Рис. 2. Мутантная коллекция томата

1989). На сегодня известно 994 моногенных маркера томата (Report TGC, 2005). Локализовано 323 гена в несущих их хромосомах; из этого числа 234 определены, а остальные 89, в отношении которых пока не проведены убедительные многоточечные тесты, приведены под каждой хромосомной картой (рис. 1).

Так как томат является диплоидом по основному числу хромосом, в его фенотипе можно четко идентифицировать мутации многих типов. Сорт Morglobe является стандартом, в сопоставлении с ним даются названия, и присваивается символика мутации.

Собранная нами коллекция мутантных форм составляет часть генофонда культуры томата. В ней собраны и поддерживаются маркерные формы, насчитывающие более 500 образцов. Коллекция разбита на группы по проявлению маркерных признаков в онтогенезе (рис. 2).



Идентифицированный мутантный генофонд дает возможность решать теоретические и практические задачи селекции. На примере культуры томата нами предлагаются возможные пути использования фенотипических маркеров в генетико-селекционных исследованиях, таких как:

1. Изучение природы биохимических и физиологических процессов.

Физиолого-биохимическое изучение мутантов позволяет получить данные о действии генов в онтогенезе, что в свою очередь дает возможность понять многие важные этапы синтеза веществ, в том числе веществ, определяющих качество урожая.

2. Составление генетических карт.

Мутантный генофонд томата играет важную роль в установлении принадлежности вновь полученных мутантных генов к определенным груп-

пам сцепления и хромосомам, расположения центромер и ориентации плеч хромосом по отношению к центромере.

3. Использование мутантов для изучения наследования количественных признаков.

Наличие большого числа разнесенных по картам хромосом и легко идентифицируемых фенотипически генов томата позволяет подойти к изучению вопросов локализации блоков генов, контролирующих некоторые количественные признаки, с помощью известного метода сигналей, предложенного Серебровским (1970).

4. Использование мутантов для

Поскольку большинство видов рода *Lycopersicon Tourn.*, отличаются по большому количеству признаков, использование многомаркерных мутантов открывает широкие возможности для исследования некоторых количественных признаков. Многомаркерные мутанты *L. esculentum* Mill. позволяют изучать передачу маркерных признаков при межвидовой гибридизации, степень кроссинговера, цитоплазматическое наследование, поведение маркерных генов или блоков генов одного вида на генетическом фоне другого.

5. Использование мутантов при изучении эффекта дозы гена, вза-

ние о модели происхождения культурного томата от дикорастущей формы за счет последовательного накопления генных мутаций.

7. Использование мутантов в практической селекции.

Получение и широкое использование мутантов в селекционных программах сельскохозяйственных культур является дополнительным методом.

В настоящее время моногенные мутации, все чаще используются в селекции в качестве новых источников зародышевой плазмы для генетического улучшения сортов томата. При создании сортов с небольшими компактными кустами, пригодными для механизированной уборки, используются мутации *br*, *d*, *cpt* и другие. Большое значение имеют мутантные гены *j*, *j-2*, *j-2ⁱⁿ*, обуславливающие отрыв плода от плодоножки.

При создании компактных растений для теплиц используется синдром *Baby Lea* контролируемый комплекс многих совместно возникающих признаков.

В гибридном семеноводстве для создания материнских компонентов с мужской стерильностью используются мутанты *sl*, *ex*, *ps*, *ms*, а также маркеры *a*, *aw*, *ful*, *e*, *c*, *bs*, позволяющие по фенотипическому проявлению различных аллелей контролировать его чистоту.

В селекционных программах большое значение имеют мутантные гены, влияющие на процессы образования завязей у томата (*ste*, *s*, *vms*, *sl*, *as*, *ps*, *fms*, *j*). Осыпание цветков на первых кистях растений томатов обуславливают низкие ночные температуры, в то же время растения с геном *ft* могут завязывать плоды и при ночной температуре 4,5°C (Kemp, 1966).

Представляет интерес изучение общих тенденций и закономерностей генетических процессов. В них учитываются рекомбинационные и сегрегационные показатели генов-маркеров, а также ряд количественных



контроля интрогрессии при межвидовой гибридизации.

Известно, культурный томат (*L. esculentum* Mill.) скрещивается со всеми дикими и полукультурными видами рода *Lycopersicon Tourn.*, что дает возможность, используя в межвидовой гибридизации одно- и многомаркерные мутанты, изучить многие аспекты проблемы межвидовой гибридизации, в том числе индуцирование формообразовательного процесса и на этой основе разработать надежные методы хромосомной и генной инженерии, позволяющие переносить нужные фрагменты хромосом диких видов в геномы сортов-реципиентов.

взаимодействия аллелей и других явлений.

Тетраплоиды и анеуплоиды томата дают возможность изучить влияние доз генов. Наряду с изучением явления «дозы гена» большой практический интерес представляет выяснение влияния взаимодействия аллелей разных мутантных генов на формирование различных признаков растений томата.

6. Использование мутантов в эволюционно-генетических исследованиях.

По мнению Stubbe (1966), при изучении экспериментально созданных мутаций можно получить представле-

признаков, которые, как правило, относятся к хозяйственно ценным. Изучение взаимосвязи или закономерностей между этими показателями поможет оценить структурные и функциональные особенности гибридного материала и в конечном счете определить тенденции дальнейших исследований.

8. Изучение процесса селективной элиминации на постмейотических этапах.

Важным подходом к увеличению эффективности селекционного процесса является снижение селективной элиминации рекомбинантов. Без учета уровня селективности в элиминации гамет, зигот, проростков невозможны объективные оценки мутантной или рекомбинантной обработки, результатов гибридологического анализа (Жученко, 1980; 2004).

Такого рода подходы в использовании фенотипически проявляющихся генов-маркеров при достаточно хорошо изученном мутантном генофонде томата позволяют расширить область их применения в генетико-селекционных исследованиях.

Собранная нами коллекция мутантных форм томата представляет собой фенотипически проявляющиеся маркеры на всех стадиях онтогенеза. Представлены одно- и многомаркерные линии. Наибольший интерес в исследованиях томата играют многомаркерные формы, несущие два и более гена, локализованные как в одной, так и в различных хромо-

сомах, а проявление признаков наблюдается на одной или нескольких стадиях развития.

Маркерная коллекция томата является уникальным инструментом для решения теоретических и практических задач селекции (расширение спектра доступной генетической изменчивости; разработка методов гаметного (пыльцевого) отбора на устойчивость к экстремальным факторам среды; введение в селекционные линии генов, контролируемых хозяйственно ценные признаки и т.д.).

Таким образом, широкие возможности, открываемые в селекционно-

руемой работе ученых из многих стран мира, представляет большую ценность и является основой в решении многих вопросов частной генетики данной культуры. В этой связи справедливо предложение Хвостовой (1971) о том, что нам «необходимо сохранить полученные мутанты и организовать в стране их всесоюзную коллекцию». Наряду с получением и сохранением мутантов томата, на наш взгляд, особую ценность в исследованиях по частной генетике томата представляют многомаркерные мутанты. Данные, полученные к настоящему времени на основании использования коллекции мутантов,



Томат с маркерным геном *p*

генетических исследованиях при использовании мутантов, показывают, что мутантный генофонд, созданный в результате многолетней целенап-

редставляют интерес, как для частной генетики различных культур, так и для общей и экологической генетики, селекции томата.

Литература

1. Вавилов Н.И. Селекция с научной точки зрения. Теоретические основы селекции растений. Т.1. – М.-Л. – 1935. – с. 893-990.
2. Жученко А.А. Экологическая генетика культурных растений. Кишинев: Штиинца. – 1980. – 887 с.
3. Жученко А.А. Адаптивная система селекции растений (эколого-генетические основы). Том I и II. М.:Агрорусс, 2001. – 780 с., 1490 с.
4. Жученко А.А. Экологическая генетика культурных растений и проблемы агросферы (теория и практика). Том I и II. М.:Агрорусс, 2004. – 1153 с.
5. Серебровский А.С. Генетический Анализ. М.:Наука. – 1970. – 311 с.
6. Хвостова В.В. Современное состояние исследований по экспериментальному получению и практическому использованию мутаций у с.-х. растений. М. – 1971.
7. Barton D.W. Comparative effects of X-ray and ultra-violet radiation on the differentiated chromosomes of the tomato // Cytologia – 1954. – 19. – 157-175.

8. Dragavtsev V.A., Pecshek J. Estimation of Genotypic and Environmental Variation in Plants. In: Basic Life Sciences. Genetic Diversity in Plants. A Holander (ed.) Associated Univ. Corp. Press. Washington C.D. – 1977. – V.8. – p. 233-240.
9. Lindstrom E.W., Humphrey L.M. Comparative cytogenetic studies of tetraploid tomatoes from different origins // Proc. Int. Cong. Genet. N.Y.- 1932. 2. – p.118-119.
10. McArthur J.W. Linkage groups in the tomato // J. Genet. – 1934. – 29. – p. 123-133.
11. Stubbe H. Mutanten der Wildtomate *Lycopersicon pimpinellifolium* (Jusl.) Mill. IV. // Die Kulturpflanze. – 1965. – Bd. XIII. – S.517-544.
12. Stubbe H. Weitere evolutionsgenetische Untersuchungen in der Gattung *Lycopersicon*. – // Biol. Zbl. – 1971. – 90. – Bd.5. – S.545-559.
13. Tanksley S.D., Mutschler M.A. Linkage map of the tomato (*Lycopersicon esculentum*) // Genetics map. – 1989. – p. 6.3-6.15.