



## БИОТЕХНОЛОГИЯ СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ НА КОМБИНАТОРИКУ МОНОГЕННЫХ КАЧЕСТВЕННЫХ И КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ И ПЕРСПЕКТИВЫ ЕЕ РАЗВИТИЯ В XXI ВЕКЕ

*Ю. И. АВДЕЕВ, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик Российской академии,*

*Астраханский государственный университет,*

*А. Ю. АВДЕЕВ, кандидат сельскохозяйственных наук,*

*Л. М. ИВАНОВА, научный сотрудник,*

*О. П. КИГАШПАЕВА, кандидат сельскохозяйственных наук,*

*Государственное научное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт орошаемого овощеводства и бахчеводства*



414056, г. Астрахань,  
ул. Татищева, д. 20а;  
тел. (8512) 25-17-09, (8512) 61-08-20.

**Ключевые слова:** селекция, моногенно наследуемые признаки, томаты.  
**Keywords:** Breeding, monogenic inherited traits, tomatoes.

Бурное развитие генетики растений позволило по хорошо генетически разработанным сельскохозяйственным культурам выявить многие сотни и даже тысячи моногибридно наследуемых качественных признаков. Например, у культуры томата уже выявлено более тысячи таких признаков, в т. ч. признаки формы, размера, типа растений, листьев, цветков, плодов, устойчивости к болезням, вредителям и экстремальным факторам среды и др.

Из года в год их количество увеличивается. Специальными опытами на культуре томата было показано, что моногенная структура генома растений является преобладающей. Доля экспрессируемых однолокусных генов в геноме томата, согласно данным Tanskley D. (1987), составляет 88 %, а включая и молчащие гены, изученные с помощью ДНК в других опытах исследователей [Bernatzky et al, 1986], составляет 53 %. Такой вывод подтверждается и накопленной огромной генетической коллекцией мутантов у многих сельскохозяйственных культур.

Признаки, наследуемые по сложной схеме — 2–3-мя генами — часто включают один главный ген со значительно преобладающим эффектом. Такой ген может быть выделен в отдельной линии, обеспечив моногибридное эффективное наследование признака. Это еще более расширяет потенциал выявляемых и накапливаемых коллекций моногенных мутантов.

Нами проведен анализ известного мутантного коллекционного генофонда томата (TGC Report, 2008), а также многих моногибридно наследуемых признаков, применяемых в нашей 40 летней селекционной работе. Кроме того, мы проанализировали генетическую структуру более 40 наиболее распространенных гибридов F1 зарубежных селекционеров. Анализ показал, что в настоящее время в селекции при создании сортов и гибридов томата можно успешно применять более 200 моногенно наследуемых признаков, включая маркерные рецессивные признаки и их доминантные аллели. Этот потенциал охватывает все основные морфологические, биологические и некоторые биохимические хозяйственно-ценные признаки томата, а также устойчивость ко многим биотическим и абиотическим факторам среды. Он может быть успешно применен для

комплексной моногенетической селекции сортов и гибридов томата разных направлений использования продукции. Особую ценность представляет моногенетическая устойчивость к вредителям и болезням. На сегодня уже выявлено и используется в селекции более 35 доминантных и неполно доминантных генов устойчивости. Важно отметить, что рецессивные гены устойчивости не нашли практического использования в селекции, хотя уже известны 30–50 лет. Кроме того, обнаруживаемые геноисточники устойчивости со сложным типом наследования впоследствии позволили выделить высокоэффективные моногены устойчивости. Ни один из высокоэффективных генов устойчивости к патогенам и абиотическим факторам не был получен методом мутагенеза, а найден в основном в диком, а также в культурном, генофонде в готовом виде, что свидетельствует о сложной структуре и длительной эволюции таких генов.

Изложенные выводы полезно учитывать при поиске и селекции новых признаков устойчивости к вредителям, болезням и неблагоприятным факторам среды.

Большая ценность доноров моногенных хозяйственно-ценных признаков состоит в том, что селекция новых сортов и линий с их использованием значительно упрощается и превращается в чисто технический процесс их комбинаторики. Гомозиготные растения по рецессивным признакам томата можно получить путем отбора уже в F<sub>2</sub>, а по доминантным — в F<sub>3</sub>. При 2–2,5 поколениях выращивания растений в год можно за два года достигать сочетание 3–4 морфо-биологических и до 2–3 моногенных признаков устойчивости к болезням. Это показано нами в ряде публикаций [Авдеев, 1998; Авдеев и др., 2008].

Метод создания сортов на основе моногенных признаков назван нами моногенетической селекцией, чтобы отличить от селекции, основанной на синтетическом подходе в учете в F<sub>3</sub>–F<sub>6</sub>, при котором используется исходный материал с известной генетической обусловленностью признаков. При моногенетической селекции отбор генотипов ведется не только по проявлению признака у взрослого растения, а чаще по признакам всходов, реакции их на заражение, по сцепленным маркерным генам.

Метод моногенетической селекции

может включать использование белковых (изоферментных) и/или ДНК-маркеров хозяйственно-ценных генов. Однако следует отметить, что такая маркерная селекция на сегодня очень ограничена, т. к. разработана на небольшом количестве моногенно управляемых хозяйственно-ценных признаков. При селекции на сочетание 3-х и более признаков требуется большое количество анализов на наличие маркеров, так как число контролируемых отбором растений необходимо многократно увеличивать при селекции на комплекс других хозяйственно-ценных признаков. ДНК-маркеры без проверки потомств на фенотипическое проявление признака не всегда гарантируют достижения цели из-за возможных рекомбинаций.

Для осуществления моногенетической селекции необходим наработанный базис исходных генотипов сортов. Этот базис предполагает наличие в селекционном процессе высокоурожайных сортов и линий разного направления использования, которые не несут хозяйственно-вредных признаков и достаточно хорошо адаптированы к региону возделывания, отлично завязывают плоды хорошего качества в условиях жары и резких перепадов температур. Базис включает комплекс хозяйственно-ценных качественных и количественных признаков растения с разной по сложности их генетической обусловленностью и эффектом взаимодействия генов.

Такие исходные базисные сорта подбираются селекционером из районированного ассортимента и используются для моногенетической селекции. Целью такой селекции может быть придание или изменение до 10 и более хозяйственно-ценных моногенно-управляемых признака. Например, для создания машинного сорта томата в Астраханской области могут быть использованы моногенные доноры с генами: штамбовый (d2) или обыкновенный невысокий куст (sp), удлинненный плод (o), яркой красной окраски (R) с повышенным содержанием ликопина (ogc), отсутствием сочленения плодоножки (j-2 или j-1) и зеленого пятна на основании плода (u), устойчивости к растрескиванию (Rsc), резистентности к ВТМ (Tm-2), фузариозу (I1, I3), вертициллезу (Ve), заразихе (Ora), вершинной гнили плодов (Ver) и другим болезням.



Для генов, которые обуславливают один признак, мы в своих работах используем термин моноген, чтобы отличить их от полигенов и управляемых ими признаков. Отдельные элементы моногенетической селекции уже используются ведущими зарубежными и некоторыми отечественными селекционерами. В стране пока не создано необходимого генофонда для осуществления полноценной комплексной селекции, основанной на использовании моногенов хозяйственно-ценных признаков, в т. ч. особенно моногенов устойчивости к болезням и вредителям, которые известны в зарубежных коллекциях. В нашей селекционной работе во ВНИИОБ постоянно поддерживается и используются доноры многих моногенно управляемых хозяйственно-ценных признаков.

Моногенетическая селекция по существу представляет собой создание сортов методом нанотехнологии. Нанообъекты-моногены путем регулируемых нанопроцессов, включающих контролируруемую гибридизацию, оценки и отборы растений с их присутствием, переносятся и концентрируются в одном гомозиготном генотипе.

Созданные нами методом моногенетической селекции гомозиготные высокоурожайные 3 сорта томата Астраханский, Юрьевский и Транс Новинка вошли в научные разработки по использованию нанотехнологий в АПК [Авдеев, Коринец, 2008]. Два первых несут открытые нами доминантные гены Oga — устойчивость к заразихе египетской, Veg — устойчивость к вершинной гнили плодов, которые очень вредоносные в южной зоне РФ, и ген устойчивости к растрескиванию плодов (Rsc), а также устойчивости к вирусу табачной мозаики (Tm-2).

Генетическая структура Oga, Tm-2, Veg, Rsc, R, ogc, d2, u, O, j+, s+, обеспечивает этим крупноплодным (130–148 г) сортам при капельном орошении и минеральном питании высокую урожайность, до 136–141 т/га, и хорошее качество плодов. Машинный сорт томата Транс Новинка с сочетанием генов Oga, RSC, Tm, j-2, R, u, o, sp; s+ с массой прочного плода 60–70 г образует товарный урожай при такой же технологии 120 т/га [Мухортова и др., 2009].

Возможности и потенциал метода моногенетической селекции до последнего времени использовался для улучшения сортов только по качественным признакам. Со времен Г. Менделя вся генетика развивалась путем изучения и накопления только качественных признаков растений. Достаточно проанализировать расщепление по таким признакам у гибридов F2 (или В1) и проверить и подтвердить соответствие фактического расщепления теоретическому 3:1 (или 1:1), чтобы обнаружить моногибридное наследование.

С количественными или варьирующими признаками все оказалось сложнее. Варьирующие признаки в F2 и В1 имеют непрерывное варьирование и «генетический каркас нельзя отделить

от паратипического», вследствие чего известный менделевский анализ невозможно использовать [Серебровский, 1991]. Существенными методами генетического анализа оказалось невозможно определить, «обуславливается количественная изменчивость исключительно факторами среды или же имеет место изменчивость связанная с расщеплением» [Жученко, 1973].

Из-за множественного характера проявления показателя количественного признака у растений в науке утвердилось убеждение о том, что количественные признаки, как правило, обусловлены полимерными генами, что прочно вошло в учебники для ВУЗов и последние издания по генетике [Жимулев, 2002; Жученко, 2003; Пухальский, 2007].

В результате более чем 30-летних генетических исследований мы обнаружили, что большинство из изученных нами количественных признаков наследуется по моногибридному типу. Это вполне соответствует генетическому строению генома томата, уже упомянутому нами ранее.

Моногибридное наследование количественных признаков удалось выявить только благодаря разработанному методу генетического анализа, названному нами «методом частотного адаптированного сопряженного анализа расщеплений F2–B1 по данным частотного распределения P1–P2–F1-контролей», или сокращенно ЧАСАР. Он позволяет разделить расщепление на группы, аналогичные по варьированиям (P1 или P2) и остальные растения у гибридов F2 и, соответственно, P1(2) и другие растения в беккроссе. Число растений в группах подсчитывается и затем проверяется гипотеза соответствия фактического расщепления групп растений теоретическому моногибридному расщеплению P1: (P2+F1) или P2: (P1+F1) у гибридов F2 и P1(2):F1 в беккроссе. При необходимости при подсчете числа растений в расщепляющихся группах проводится их корректировка, связанная с перекрытием варьирований признаков родительских форм и гибрида F1.

У томата и огурца было проанализировано 15 признаков. Гипотеза моногибридного наследования подтверждена по 12 количественным признакам, изученным в 21 расщеплении в F2 и 12 в В1, т. е. в 33 расщеплениях. По моногибридному типу наследовались количественные мерные варьирующие признаки: длина главного стебля, длина плода, индекс формы плода, индекс формы семядольного листа, прочность прикрепления плода к плодоножке, усилие отрыва плода от стебля; прерывисто-варьирующие признаки: число междоузлий, количество боковых побегов; устойчивость к экстремальным факторам среды: устойчивость к вершинной гнили (к комплексу факторов — засолению, жаре, засухе), устойчивость к растрескиванию плодов томата (к перепадам влажности почвы, воздуха и температуры); устойчивость к болезням при искусственном инфицировании: к альтернариозу и к заразихе

египетской. В изученных случаях у моногибридно наследуемых количественных признаков в F1 были отмечены неполно рецессивный, промежуточный, неполно и полно доминантный типы наследования, а также проявление гетерозиса.

Разработанный метод моногибридного генетического анализа количественных признаков восполняет недостающее звено в общей генетике, и в генетике растений в частности, дополняя менделевский метод генетического анализа качественных признаков. Метод предполагает использование в скрещиваниях в качестве родительских форм только гомозиготных растений, имеющих разные отличающиеся проявления простых количественных признаков, т. е. их параметры (амплитуды варьирования). Метод довольно сложен, но доступен к быстрому усвоению, т. к. подробно разработан с пошаговой его последовательностью и подробно изложен в наших публикациях [Авдеев, 2003, 2004; Авдеев и др., 2008]. По нашему мнению, дальнейшее развитие генетики и моногенетической селекции растений в XXI веке в связи с разработкой вышеупомянутого метода генетического анализа имеет большие перспективы, т. к. огромное количество варьирующих признаков почти 100 лет по-прежнему остается вне границ исследований генетиков.

Моногенетическая селекция, как было показано, по существу относится к нанотехнологиям. Генная инженерия, относящаяся к нанотехнологии, по сути является вариантом моногенетической селекции. Один и тот же процесс манипуляции с переносом одного хозяйственно-ценного гена в улучшаемый генотип осуществляется разными методами. Достижение положительного результата в обоих случаях требует не менее 3–4 поколений выращивания растений.

Несмотря на некоторые положительные стороны генной инженерии — перенесение гена с сохранением исходного генотипа, возможность с манипуляцией генов систематически удаленных организмов, следует отметить, что накопленный потенциал моногенетических доноров для селекции сортов растений, например, томата, в десятки раз превосходит разработанный хозяйственно-ценный потенциал генной инженерии.

Моногенетическая селекция на основе моногенных доноров имеет свои плюсы в том, что за одно скрещивание создаваемый генотип сорта может быть улучшен по многим признакам. При улучшении генотипа не применяются плазмиды и вирусы, являющиеся внутригеномными мутаторами, а в выведенном сорте отсутствуют бактериальные белки, способные вызвать у людей аллергию.

Совершенствование методов моногенетической селекции и генной инженерии растений и взаимодействие селекционеров разных направлений исследований приведет к ускорению процесса создания сортов и гибридов более высокого уровня продуктивности и качества.

## Литература

1. Авдеев Ю. И. Исследование и практическое использование устойчивости томата к видам заразиховых семейства *Orobanchaceae*. Астрахань, 1998.
2. Авдеев Ю. И. Генетический анализ количественных признаков растений. Астрахань, 2003.
3. Авдеев Ю. И. Генетический анализ растений. Астрахань, 2004.
4. Авдеев Ю. И., Иванова Л. М., Авдеев А. Ю., Кигашпаева О. П. Методика моногибридного генетического анализа количественных признаков растений. Астрахань, 2008. 29 с.
5. Авдеев Ю. И., Коринец В. В. Научные разработки по использованию нанотехнологий в АПК. МСХ РФ и ФГНУ «Росинформагротех».