

УДК 575:632.938+633.11

Лупашку Г. А. *, Гавзер С. И.

Институт генетики, физиологии и защиты растений АНМ, ул. Пэдурилор, 20,
г. Кишинев, 2002, Молдова, *e-mail: galinalupascu51@gmail.com

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И ЭПИГЕНЕТИЧЕСКИЕ ФАКТОРЫ КАК ИСТОЧНИКИ ВАРИАбельНОСТИ ПРИ СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К ГРИБНЫМ ПАТОГЕНАМ

Общеизвестно, что устойчивость сельскохозяйственных растений к грибным, бактериальным и вирусным болезням является одним из основных характеристик высокой, качественной продукции, хорошего семенного материала, гарантирующих успех внедрения и культивирования созданных сортов. Резистентность растений к грибным патогенам зачастую коррелирует с нежелательными хозяйственными признаками (мелкоплодность, низкая продуктивность, удлиненный вегетационный период), в связи с чем в селекционные программы в качестве родительских форм включаются в основном генотипы с хорошими показателями продуктивности и качества плодов, зерна и др. Однако это привело к сужению генетического разнообразия вновь созданных форм растений, что способствует быстрому распространению новых вирулентных рас или специализированных форм патогенов. Например, у томата, согласно некоторым мнениям, селекция на устойчивость к альтернариозу не была достаточно успешной в силу полигенной наследуемости признака, зависящей от условий среды и сцепленности резистентности с рядом нежелательными свойствами. В связи с этим многие резистентные генотипы не использовались в селекционных программах в качестве доноров (Chaerani et al., 2007). В создавшейся ситуации, на наш взгляд, для разработки эффективных генетико-селекционных технологий создания устойчивых генотипов сельскохозяйственных растений необходимо выявить генетическую основу и механизмы формирования реакции устойчивости к патогенам с целью наиболее полного использования генетического потенциала растений.

Согласно нашим многолетним исследованиям, одними из наиболее доступных факторов, выступающих в качестве источников вариативности, являются:

- 1) взаимодействие *генотип-патоген-абиотическая среда*;
- 2) взаимодействие генов растения при реакции на различные биотические и абиотические стрессы;
- 3) родительские компоненты скрещивания.

Взаимодействие генотип-среда. Как известно, количественные признаки имеют полигенный контроль, и их фенотип зависит в сильной степени от условий среды. Молекулярными методами установлено влияние среды на экспрессию генов посредством эпигенетических механизмов (Сюков, Мадякин, Кочетков, 2010). На примере дрожжевых грибов показано, что экологические условия повлияли на уровень транскрипции генов. При этом многие транскрипты проявили сильное взаимодействие со средой (Landry et al., 2006; Smith, Kruglyak, 2008). Были выявлены микро-ARN, регулирующие

посттранскрипційну активність генів (Катохин, Кузнецова, Омелянчук, 2006). Согласно авторам Драгавцев и др. (2012), количественные признаки имеют сложную эколого-генетическую основу, предполагающую в том числе и переопределение генетических формул под влиянием регуляторных генов. Предполагается, что эпигенетический контроль экспрессии генов является следствием эпистатических взаимодействий (Сюков, Мадякин, Кочетков, 2010).

На наш взгляд, факторный анализ *генотип × среда* является обязательным первоначальным тестом для выявления роли обоих компонентов в формировании того или иного признака, от чего во многом зависит и успех селекционного процесса.

Трехфакторным анализом взаимодействий генотип пшеницы – вид *Fusarium spp./Helminthosporium spp.* – изолят гриба в контролируемых условиях нами выявлено, что вклад компонентов в развитие реакции устойчивости или чувствительности зависит от конкретной фитопатосистемы. Это свидетельствует о необходимости мониторинга степени вирулентности изолятов наиболее часто встречаемых патогенов в конкретной зоне возделывания.

Взаимодействие генов. Генотип содержит множество генов, взаимодействующих между собой и функционирующих как единая слаженная система. Согласно некоторым мнениям, в большинстве исследований, посвященных выявлению генетической основы количественных признаков, в том числе устойчивости к болезням, не учитывается, что локусы взаимодействуют и фенотипический эффект одного локуса зависит от генотипа другого локуса (Carlborg et al., 2003). Эволюция фенотипа в значительной степени зависит от эпистатических взаимодействий между локусами, выявление которых довольно сложное в силу значительной их зависимости от условий среды (Liberman, Puniyan, Feldman, 2007).

Нами выявлено, что при фузариозной/гельминтоспориозной корневой гнили, бурой ржавчине, септориозе в реакции растения хозяина на патогены наибольшее значение имеют эпистатические взаимодействия, способствующие установлению совместимых (развитие болезни) или несовместимых (устойчивость) взаимоотношений между компонентами фитопатосистемы.

Родительский фактор. Часто отцовский и материнский факторы могут определить эволюцию селекции, отличную от ожидаемого эффекта. Материнская форма гибридного растения влияет на потомство прямо – питательными веществами для развивающегося семени или косвенно – генетически (Qvarnström, Price, 2001; Holdsworth, Bentsink, Soppe, 2008) и определяет степень наследуемости количественных и качественных признаков, в том числе ответ на отбор (Etterson, Galloway, 2002). Если при создании новых форм не учитывается материнский/цитоплазматический фактор, селекция может оказаться малоэффективной и привести к исключению значительного источника генетической вариабельности того или иного признака.

На примере реципрокных гибридов F₁ пшеницы нами выявлено, что выбор компонентов гибридизации в качестве материнской или отцовской формы значительно влияет на ростовые признаки растений при реакции на культуральные фильтраты грибов *Fusarium* spp., *Helminthosporium* spp. На базе комбинаций, скрещиваемых по беккросной схеме, установлено, что в системах озимая мягкая пшеница – *Puccinia recondita*, *Septoria tritici*, *Helminthosporium avenae* родительский фактор определяет уровень и ориентацию действий (аддитивные, доминантные) и взаимодействий (аддитивно х аддитивные, аддитивно х доминантные, доминантно х доминантные) генов, вовлеченных в защитные реакции растений на патогены в контролируемых и полевых условиях. В реципрокных популяциях F₂ отмечены различные спектры фенотипических классов растений в ответ на заражение данными грибами и частоты положительных трансгрессивных форм, что во многом определяет длительность отбора ценных форм растений.

УДК 633.63:632.38

Майсеня С. В.¹, Рубель И. Э.², Баранов О. Ю.²

¹РУП «Опытная научная станция по сахарной свекле», ул. Озерная, 1, г. Несвиж, 222603, Республика Беларусь, e-mail: bel-os@tut.by

²ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», ул. Пролетарская, 7, г. Гомель, 246001, Республика Беларусь

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ СКРИНИНГ СЕЛЕКЦИОННЫХ ОБРАЗЦОВ САХАРНОЙ СВЕКЛЫ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ИСТОЧНИКОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К ВИРУСНОМУ ЗАБОЛЕВАНИЮ – РИЗОМАНИИ

Сахарная свекла поражается рядом вирусных заболеваний, из которых наиболее экономически значимой является ризомания (вызываемая вирусом некротического пожелтения жилок свеклы (Beetnecroticyellowveinbenyvirus, BNYVV), классифицированный как бенивирус (фуровирус). Он передается почвенным микроорганизмом *Polymyxa betae* Keskin. Сильное поражение ризоманией ведет к сокращению урожая на 50 % и более. Кроме того, в инфицированных растениях наблюдается уменьшение содержания сахара до 10 %.

Наиболее эффективной стратегией защиты от вироза данного типа является выявление устойчивых генотипов, содержащих факторы резистентности к BNYVV, и передача их в последующее поколение путем возвратных и насыщающих скрещиваний. При этом, для интенсификации селекционного процесса, необходимым элементом на каждом этапе отбора является использование молекулярно-генетических маркеров для анализа и верификации селектируемого материала.

В настоящее время сфера применения молекулярных маркеров в селекционно-генетических исследованиях весьма значительна: создание новых сортов сельскохозяйственных культур, типировка хозяйственно-ценных особей и генотипов, включая получение и анализ трансгенных