

DOONORI PROBLEEM TERAVILJAARETUSES

O. Priilinn

Sordiaretuse keskseks probleemiks on sobivate ja efektiivsete doonorite leidmine ning kasutamine. Et ühendada aretatavas sordis rekombinatsiooni teel lähtevanemate positiivsed tunnused – kõrge produktiivsuse potentsiaal ja vastupidavus ebasoodsatele tingimustele, võetakse tavaliselt ristamiseks ühe või teise kasuliku tunnuse järgi valitud taimed. Praktika kinnitab, et mitte alati ei saada taimede välistunnuste järgi valikul soovitud tulemusi. Miks? Sellele küsimusele võib vastuse leida tuginedes vanemate hindamisel geneetilistele andmetele. Näiteks püsivalt haiguskindlate sortide saamiseks tuleb võtta ristamiseks erinevaid resistentsusgeene kandvaid sorte. Aastaid tagasi Eksperimentaalbioloogia Instituudi ja VIR'i (St. Peterburg) koostööna läbiviidud uurimused näitasid, et enamiku pruunrooste vastupidava nisusordi haiguskindlust määrab vaid üks geen – *Lr23* (Peuša, 1982). Geen *Lr23* on pehmesse nisusse (*Triticum aestivum*) üle viidud kõvanisult (*Triticum durum*) ja lokaliseerub kromosoomis 2B. Ühe geeni määratud vastupidavus ei ole püsiv. Seepärast on nüüd võetud suund uute efektiivsete resistentsusgeenide otsinguile. Arvestatavaks uute geenide reserviks on metsikud sugulasliigid, mis reeglina kannavad kultuursortides puuduvaid resistentsusgeene (Vavilov, 1986). Suuremat tähelepanu resistentsusaretuses väärivad ka kohalikud sordid, kuna nad on välja kujunenud kestva loodusliku ja kunstliku valiku tingimustes ning hästi kohanenud kohalike oludega. Täiendava võimalusena aretuse lähtematerjali mitmekesisust tuleb arvesse mutantide indutseerimine füüsikaliste ja keemiliste mõjutustega. Paljude kultuuride puhul on õnnestunud saada haiguskindlaid ja teiste kasulike omadustega mutante. Suurt huvi äratavad markergeene kandvad mutandid, mis võimaldavad koostada ahelduskaarte ja planeerida nende abil sordiaretust (Štšerbakov, 1970; Micke, 1983; Siddiqui, 1990). Kuid üldreeglina tuleb arvestada seda, et liigi genofondis olevad resistentsusgeenid on püsivamad ja seega väärtuslikumad võrreldes mutantsete geenidega. Viimased pole integreeritud geneetilise süsteemiga genotüübis ja alluvad loodusliku ning kunstliku valiku tingimustes kergemini muutustele. Neil on pleiotroopne kompleks muutunud.

Lähtematerjali genotüübiline mitmekesisus on olnud aluseks paljudele kaasaegsetele sortidele. Piirdugem vaid paari näitega. Hästi on tuntud lühikõrreline nisu, mis saadi jaapani ja mehhiiko lühikõrrelisuse geene kandvate sortide baasil. Ka rukki lühikõrrelisuse aretuses kasutatakse geneetiliselt determineeritud lühikõrrelisi vorme. Reeglina ilmneb seejuures lühikõrrelisuse dominantse geeni pleiotroopne efekt, mis viib tera mõõtmete ja saagi vähenemisele. Kuid ka siin on üksikjuhtudel leitud vorme, millel selle geeni pleiotroopne efekt puudub või avaldub nõrgemalt (Kedrov-Zihman, 1978; Kobõljanski, 1982; Rimmelg, 1994). Viimast seostatakse eelkõige soodsa genotüübilise keskkonnaga (Hesemann, 1973). Herne mutantsete vormide kasutamisel on saadud minimaalse lehepinnaga taimed, mis hästi taluvad põuda ja on vastupidavad haigustele. Mutantsetest vormidest aretati Poolas suure produktiivsusega hernesordid.

Viimastel aastatel on kogu maailmas intensiivselt uuritud teraviljade produktiivsuse potentsiaali ja selle realiseerimist tootmises (Olsen, 1982). Viiakse läbi kompleksseid uuringuid geneetikute osavõtul. Keeruline on produktiivsuse kui polügeense tunnuse geneetiline determineeritus. Ja seda seetõttu, et produktiivsus kujutab endast paljude saagielementide summat, milles igaüks on eraldi geneetiliselt määratud. See nõuab produktiivsuse elementide eraldi analüüsi. Seejuures tuleb arvestada ka seda, et produktiivsuse kujunemisele avaldavad suurt mõju keskkonnatingimused, kuigi igal genotüübil on oma spetsiifiline vastusreaktsioon.

Uurijate tähelepanu köidavad teraviljade toidu- ja söödaväärtuse tõstmise perspektiivid seoses geneetiliselt läbiuuritud lähtematerjali kättesaadavusega. Nisu, rukki, odra ja teiste teraviljade lähtevormide aretusväärtuse näitajaks on saanud tera endospermi piirituseslahustuvate valgufraktsioonide asukohad elektroforeetilistes spektrites, mida saab kasutada geneetiliste markeritena (Konarev, 1978). Näiteks on kindlaks tehtud, et nisul gliadiinvalgu sünteesi kodeerivad geenid asuvad esimeses ja kuuendas kromosoomis. On leitud kõrge valgu ja lüsiini ning teiste asendamatu aminohapete sisaldusega aretusmaterjali (Munck, 1972; Sozinov, 1985). Lüsiinisalduse geneetilise muutlikkuse osas on saavutatud suuremat edu odral ja kaeral, vähem aga nisul.

Sordiaretuse lähtematerjali geneetilise uurimise skeemi on esitanud A. Merezko (1984). See on koostatud VIR's läbiviidud uurimiste ja maailmakirjanduse andmete üldistamise põhjal ning haarab järgmisi etappe: 1) taimekollektiooni loomine üldiste tunnuste järgi; 2) parimatel näidistel genotüübiliste erinevuste selgitamine uuritavate tunnuste lõikes; 3) tunnuste geneetilise kontrolli uurimine ja aretuse seisukohalt väärtuslike alleelide paari arvu kindlaks tegemine; 4) aretuse seisukohalt väärtuslike alleelide identifitseerimine; 5) geneetiliselt uuritud taimekollektiooni loomine.

Aretuse lähtematerjali valikul ja geneetisel uurimisel on tähtis sordiaretajate ja geneetikute koostöö. See on uurimissuund, mis tänapäeval vajab ühisprojekte ja fondide toetusi. Eesti Teadusfond on Eksperimentaalbioloogia Instituudi taimegeneetikute ja Jõgeva Sordiaretuse Instituudi aretajate sellisuunalisi uurimisi toetanud (grantid nr.160 ja 1586). Meie tänased prioriteedid on seotud teraviljade genoomi rekonstrueerimisega sortide majanduslike ja bioloogiliste tunnuste parendamise eesmärgil, eriti haiguskindluse geneetisel suurendamisel (Priilinn jt.,1992; 1996; Küüts jt.,1994). Erinevate genoomide sobitamiseks kasutatakse kromosoomtehnoloogia, embrüokultuuri, androgeneesi, monosoomanalüüsi, DNA-DNA hübriidiseerimise ja teisi meetodeid. Loodetakse täiustada aretustehnoloogiat ja saada andmebaas identifitseeritud geenide kohta sortides ja liinides. Uuritud materjal leiab kasutamist Jõgeval.

Senise töö tulemusena väärib esiletõstmist resistentsusgeenide ületoomine, tetraploidsetelt nisuliikidelt (*T. timopheevii* ja *T. militinae*) heksaploidse nisu (*T. aestivum*) genoomi (Enno, Peusha, 1992; Enno jt., 1995). Monosoomanalüüsiga tehti ka kindlaks, et ületoodud jahukastele vastupidavust määrav geen asub kromosoomis 4A. Liinid on antud üle Jõgevale kontrollimiseks ja kasutamiseks aretuses. Geneetilise materjali ülekandmine ühelt taimeliigilt teise leidis kinnitust karüotüüpide analüüsil diferentseeritud värvimise meetodil (L. Timofejeva), gliadiinvalgu elektroforeetilisel analüüsil polüakrüülamiidgeelil (M. Tohver) ja DNA hübriidiseerimisel (K. Järve).

Möödunud aastal õnnestus monosoomanalüüsi abil itaalia nisusordil 'Vierest' kindlaks teha varem tundmatu jahukaste resistentsusgeen, mis asub kromosoomis 1D (Peusha jt., 1996). See geen tähistati kooskõlas rahvusvahelise nomenklatuuri reeglitega sümboliga *Pm22*. Kirjanduses pole seni toodud andmeid jahukaste resistentsusgeenide esinemise kohta kromosoomis 1D.

Käesoleval aastal on Eksperimentaalbioloogia Instituudi ja Jõgeva Sordiaretuse Instituudi ühisprojekti järgi kavas selgitada Jõgeva kollektioonis olevatel suvinisusortidel geenide *Lr* (tähistab pruunroosteresistentsust) ja *Pm* (tähistab jahukasteresistentsust) esinemine või puudumine. Selleks kasutatakse test-isolaatide meetodit ja bensimidiasooltehnikat (H. Peuša). Eeldatakse, et saadava informatsiooni põhjal on võimalik sihipärasemalt valida doonorsorte ja liine resistentsusaretuseks.

Eespool esitatust võib teha alljärgneva **kokkuvõtte**:

1. Oleme jõudnud ajajärku, mil edu tingimuseks teraviljaaretuses on geneetiliselt läbiuuritud lähtematerjali kasutamine. See eeldab sordiaretajate ja geneetikute tihedat koostööd, ühisprojekte efektiivsete doonorite väljaselgitamiseks ja ka loomiseks. Eestis on selle tööga alustatud.

2. Genoomi iseloomustamiseks on meil kasutada niisugused meetodid nagu monosoomanalüüs, valkude elektrofores, kromosoomide diferentseeritud värvimine, nukleiinhapete hübriidiseerimise mitmesugused variandid ja teised testmeetodid.

3. Sordiaretuse ja taimegeneetika meetodilised ja tehnilised võimalused on viimastel aastakümnetel tunduvalt avardunud. Kaugristamine, kromosoom-, raku- ja embrüotehnoloogia kasutamine võimaldab kontsentreerida loodavasse sorti väärtuslikke gene, suurendada taimede adaptatsioonivõimet ja stabiliseerida genoomi ning kiirendada uue sordi loomist.

Kirjandus

- Enno, T., Peusha, H. Introgression of genes for rust resistance from *T. timopheevii* to common wheat. – Vortrage für Pflanzenzüchtung, 24, S. 197...199, 1992.
- Enno, T., Peusha, H., Järve, K., Timofeyeva, L., Tsimbalova, E., Priilinn, O. Introduction of alien genetic variation by means of interspecific hybridization. EWAC Newsletter. Proceed. 9th EWAC Conference 1994 Gatersleben-Wernigerode Cereal aneuploids for genetical analysis and molecular techniques. Germany, UK, p. 65...67, 1995.
- Hesemann, G. U. Ein Fall von Dominanzwechsel bei Gertezugleich ein Beispiel für Aufhebung pleiotroper Genwirkungen. – Theor. Appl. Genet., vol. 43, p.8, 1973.
- Kedrov-Zihman: Кедров-Зихман О. О., Шарепо Т. И., Белько Н. Б. Плейотропный эффект доминантного гена карликовости *H1* у диплоидной озимой ржи. – Генетика продуктивности сельскохозяйственных культур. – Минск, с. 27...33, 1978.
- Kobõljanski: Кобылянский В. Д. Рожь. Москва, Колос, 1982. – 271 с.
- Konarev: Конарев В. Г. Молекулярно-генетические аспекты в селекции зерновых на качество урожая. – Генетика и селекция сельскохозяйственных растений. – Общая генетика, т. 5, 88...123, 1978.
- Küüts, H., Peusha, H., Enno, T., Priilinn, O. Transfer of alien genetic material for improvement of wheat resistance in Estonia. – EUCARPIA Symposium 'Prospective of cereal breeding in Europe, Switzerland, p. 123...124, 1994.
- Merezko: Мережко А. Ф. Система генетического изучения исходного материала для селекции растений. – Методические указания. – Ленинград, ВИР. – 70 с.
- Micke, A. Some considerations on the use of induced mutations for improving disease resistance of crop plants. In: Induced mutations for disease resistance in crop plants. IAEA, Vienna, p. 3...19, 1983.
- Munck, L. Improvement of nutritional value in cereals. – Hereditas, 72, p. 1...128, 1972.
- Olsen, S.R. Removing barriers to crop productivity. – Agronomy J., vol. 74, p. 1...4.
- Peuša: Пеуша Х. О. Наследование устойчивости к бурой ржавчине у некоторых сортов и образцов мягкой пшеницы. – Автореф. канд. дисс., Ленинград, 1982. – 22 с.
- Peusha, H., Hsam, S. L. K., Zeller, F. J. Chromosomal location of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L.em.Thell.), 3. Gene Pm22 in cultivar 'Vierest'. – Euphytica, (trükis), 1996.
- Priilinn, O., Enno, T., Peuša, H., Tohver, M. Nisu genoomi rekonstrueerimise teed ja meetodid. – Agraarteadus, III, nr. 1-2, lk. 34...45, 1992.
- Priilinn, O., Enno, T., Küüts, H., Peusha, H. Genetic resources for the adaptive breeding of wheat. – Agraarteadus, VII, nr. 1, lk. 84...89, 1996.
- Remmelg, H. 'Sangaste' rukis lühikõrreliseks. – Eesti Põllumajandusülikooli teadustööde kogumik, 178, Tartu, lk. 153...155, 1994.
- Siddiqui, K. A. Mutations in Wheat – Future Possibilities. – In: Wheat. Biotechnology in agriculture and forestry: 13, p. 549...578, 1990.
- Sozinov: Созинов А. Полиморфизм белков и его значение в генетике и селекции. – Москва, Наука, 1985. – 275 с.
- Štšerbakov: Шербаков В. К. Генетические основы иммунитета растений. – Биологические основы растениеводства. – Итоги науки. – Москва, с. 9...77, 1970.
- Vavilov: Вавилов Н. И. Иммунитет растений к инфекционным заболеваниям. – Москва, 1986. – 519 с.

The Donor Problem in Cereal Breeding

O. Priilinn

Summary

Genetic understanding of initial material is a prerequisite for contemporary cereal breeding. This implies the close cooperation of breeders and geneticist in joint for finding effective donors. In Estonia, these projects have already begun.

Monosomal analysis, protein electrophoresis, differential chromosome staining, nucleic acid hybridization and other techniques are available in the Laboratory of Plant Genetics, Institute of Experimental Biology, EE3051 Harku, Estonia, for the characterization of cereal genomes. Cell and embryo culture technique make it possible to combine different valuable genes into new varieties to enhance adaptive capacity and to stabilize the distantly related hybrids.

We have succeeded in the transferring of some resistance genes of the tetraploid wheat species into the genome of hexaploid wheat. Powdery mildew and leaf rust resistant lines have been isolated for futher characterization and breeding.