

NISU GENEETILINE KOLLEKTSIOON EPMÜ EKSPERIMENTAALBIOLOOGIA INSTITUUDIS JA SELLE KASUTAMINE

O. Priilinn, T. Enno, H. Peuša

Pikaajalise evolutsiooni tulemusena kujunesid looduslikes tingimustes välja metsikud taimeliigid, mis panid hiljem aluse ka kultuurliikide tekkele. Nii on pehme nisu (*Triticum aestivum* L. em Thell. AABBDD, $2n=6x=42$) kui üks tänapäeva levinumaid ja produktiivsemaid põllumajanduslikke kultuure allopolüploid, mis ühendab kolme liigi genoomi (*Triticum monococcum* L., *Aegilops speltoides* Taush., *Ae. squarrosa* L.). Viimased eraldi võetuna kui looduslikud liigid ei leia otseselt majanduslikku kasutamist. Ometi pakuvad metsikud liigid ka praegusel ajal suurt huvi aretuses doonoritena mitmete väärtuslike tunnuste tõttu. Üldse on nisude perekond (*Triticum*) ja sugulasliigid teistest perekondadest geneetiliselt väga mitmekesised, avades suuri võimalusi kombinatsioonaretuses.

Sordiaretajate ja geneetikute mitme põlvkonna töö tulemusena ongi maailmas loodud nisusortide ja -liinide rikkalik kollektsioon, mis paikneb planeedi paljude uurimisasutuste laborites ja geenipankades. Seejuures on globaalselt aktuaalse probleemina päevakorral kohalike sortide ja vormide ning looduslike sugulasliikide kogumine ja säilitamine (Priilinn, 1995; Priilinn jt., 1996; Kukk, Küüts, 1997).

Käesoleva sajandi esimesel poolel pöörati töös kollektsioonidega peatahelepanu liigisisese muutlikkuse analüüsimisele morfoloogiliste, füsioloogiliste, biokeemiliste ja teiste tunnuste järgi ning fikseeriti sortide, liinide ja mutantide fenotüübilised erinevused (Merežko jt., 1996). Geneetika ja uurimismeetodite arenedes on viimastel aastakümnetel küllalt suures mahus tehtud kindlaks fenotüübiliste erinevuste geneetiline loomus ja identifitseeritud geenialleelid. Erinevaid tunnuseid kontrollivate geenide kohta on koostatud spetsiaalne kataloog, mida järjekindlalt uuendatakse (McIntosh, 1988).

Sordiaretajatele pakuvad geneetilised kollektsioonid huvi kui geneetiliselt identifitseeritud lähtematerjal, mis võimaldab sihipäraselt valida ristamisvanemaid. Samuti on kollektsioonid muutunud asendamatuks nii fundamentaal- kui rakendusuringute läbiviimisel (Smirnov, Sosnihhina, 1983). Seda kinnitavad ka meie kogemused, isegi väikese kollektsiooni olemasolul.

Eksperimentaalbioloogia Instituudi oma uurimistööks vajalikus nisu geneetilises kollektsioonis on käesoleval ajal di- ja tetraploidsed liigid, markeeritud liinid ja instituudis saadud haiguskindlad introgressiivsed liinid.

Di- ja tetraploidsete nisuliikide hulka kuulub 14 säilikut. Nendeks on:

Triticum monococcum ($2n=14$, A^b) – 5 säilikut;

T. dicoccoides ($2n=28$, A^aB) – 1 säilik;

T. dicoccum ($2n=28$, A^aB) – 1 säilik;

T. durum ($2n=28$, A^aB) – 2 säilikut;

T. persicum ($2n=28$, A^aB) – 3 säilikut;

T. timopheevii ($2n=28$, A^bG) – 1 säilik;

T. militinae ($2n=28$, A^bG) – 1 säilik.

Nimetatud säilikud on saadud VIR-ist (Sankt Peterburg). Sisaldavad väärtuslikke geene või geenide plokke, mis määravad tera kõrge valgusisalduse, haiguskindluse jt. kasulikke tunnuseid.

Markeeritud nisuliinidest (42 säilikut) kuuluvad kollektsiooni järgmised.

1. Sordi 'Chinese Spring' monosoomseeria (21 liini), mida kasutatakse nisusortide geneetilisel analüüsil geenide lokaliseerimiseks kindlates kromosoomides. Et monosoomsete taimede isetolmlemisel saadakse tavaliselt 24% disoomikuid, 73% monosoomikuid ja 3% nullisoomikuid, tuleb igas põlvkonnas viia läbi hoolikas tsütoloogiline kontroll, teha kindlaks kromosoomide arv igas taimes, säilitades vajaliku karüotüübiga vormid.

2. Sordi 'Chancellor' markeeritud isogeensed liinid (20 säilikut). Liine kasutatakse test-diferentsaatoritena resistentsusgeenide identifitseerimisel.

3. Sordi 'Chinese Spring' mutant *ph 1b*, mida kasutatakse kaugristamisel geneetilise rekombinatsiooni indutseerimiseks, sest ta ei takista erinevate kromosoomide konjugeerimist. Suvinisu 5B kromosoomi pikas õlas asuv geen *Ph* takistab kaughübriidide konjugeerimist ja geneetilist rekombinatsiooni.

Tetraploidseid liike *T. timopheevii* ja *T. militinae* iseloomustab suur vastupidavus haigustele. Ristates pehmet nisu nende liikidega saadi Eksperimentaalbioloogia Instituudis introgressiivsed liinid mitmest ristamiskombinatsioonist (Priilinn, Enno, 1997). Kombinatsioonist 'Saratovskaja 29' × F₁ (*T. militinae* × *T. timopheevii*) eraldati 9 haiguskindlat liini. Ristamiskombinatsioonist suvinisumutant 146-155 × *T. timopheevii* eraldati haiguskindel liin 146-155T. Nimetatud liinid näitasid head vastupidavust pruunrooste ja jahukaste suhtes (Enno, Peusha, 1992; Peusha jt., 1996).

Nisu geneetilise analüüsi üheks põhimeetodiks on monosoomanalüüs. Eksperimentaalbioloogia Instituudis on monosoomanalüüsi kasutatud taimede haiguskindlust ja teisi tunnuseid kontrollivate geenide lokaliseerimiseks kindlates kromosoomides. Selleks on tehtud monosoomseeria ja uuritava sordi (liini) ristamisest saadud hübriidse populatsiooni F₂ monosoomanalüüs. Näiteks monosoomgeneetilisel analüüsil tehti kindlaks, et keemiliste mutageenide toimel saadud suvinisumutandi T-13 leheroosteresistentsust kontrollivad geenid lokaliseeruvad kromosoomides 7A ja 4B (Peuša jt., 1977). Sama meetodi kasutamisel näidati, et tetraploidse nisu osalemisel saadud pehme nisu haiguskindlal hübriidliinil SMT 34 kontrollib jahukastekindlust dominantne geen kromosoomil 4A ja leheroostekindlust retsessiivne geen kromosoomil 3D (Peuša jt., 1996). Sel viisil saadavad tulemused on rakendatavad efektiivsete doonorite valikul nisu rekombinatsioonaretuses. Monosoomsete vormide olemasolul kollektsioonis on võimalik saada haiguskindlaid vorme parandatava sordi teatud kromosoomide asendamisega doonorsordi soovitud genee kandva kromosoomiga.

Sordi 'Chancellor' markeeritud isogeensete liinide kasutamine annab võimaluse identifitseerida jahukastekindlust kontrollivad geenid. Meetod seisneb taimede nakatamises test-isolaatidega, kusjuures vastusreaktsiooni järgi selgub uuritava sordil või liinil ühe või teise geeni esinemine. Meetodi rakendamisel on selgitatud Eestis katsetatavate Venemaa, Rootsi ja Soome suvinisusortide ning liinide jahukastekindlus (Peusha *et al.*, 1995, 1997).

Toodud näited kinnitavad geneetiliste kollektsioonide vajalikkust uurimistöös ja aretuses. On ilmne, et erinevate karüotüübiliste variantide ja alleelide ning markergeenide baasil on võimalik luua mitmesuguseid geneetilisi mudeleid.

Kirjandus

- Enno T., Peusha H. Introgression of genes for rust resistance from *T. timopheevii* to common wheat – Vortrage für Pflanzenzüchtung, vol. 24, p. 197...199, 1992.
- Kukk V., Kүүts H. Põllumajanduskultuuride geneetilised ressursid Eestis. – Akadeemilise Põllumajanduse Seltsi Toimetised 4, lk. 37...38, 1997.
- McIntosh R. A. Catalogue of gene symbols for wheat. – Proc. 7-th Internat. Wheat Genet. Symp., vol. 2, p. 1225...1323, 1988.
- Мере́жко: Мережко А. Ф., Митрофанова О. П., Зуев Е. В. О создании генетической коллекции пшеницы. – Селекция и семеноводство, № 3...4, 1996, с. 2...9.
- Peusha H., Enno T., Priilinn O. Genetic Analysis of Disease Resistance in Wheat Hybrids, derivatives of *Triticum timopheevii* and *T. militinae*. – Acta Agronomica Hungarica, vol. 44(3), p. 237...244, 1996.
- Peusha H., Ingver A., Priilinn O. Screening for powder mildew resistance in common wheat cultivars and breeding lines. – Annual Wheat Newsletter, vol. 43, Kansas State University, p. 96...100, 1997.
- Peusha Kh., Stephan U., Hsam S. L. K., Felsenstein F. G., Enno T., Zeller F. Identification of Genes for Resistance to Powdery Mildew in Common Wheat (*Triticum aestivum* L.): IV. Breeding Lines Derived from Wide Crosses of Russian Cultivars with Species *T. timopheevii* Zhuk., *T. militinae* Zhuk. et Migush., *T. dicoccum* (Schränk.) Schuebl., *Aegilops speltoides* Taush. – Russian Journal of Genetics, vol. 31, No. 2, p. 1...7, 1995.
- Peuša jt.: Пейша Х., Шнайдер Т., Прийлинн О. Моносомный анализ устойчивости мутанта яровой пшеницы к бурой ржавчине. – Известия АН Эст. ССР. Биол. 26(3), 1977, с. 197...202.
- Priilinn O. Põllumajandustaimede geneetiliste ressursside säilitamisest ja kasutamisest. – Agraarteadus, VI, nr. 2, lk. 209...213, 1995.
- Priilinn O., Enno T., Kүүts H., Peusha H. Genetic Resources for the adaptive breeding of wheat. – Journal of Agricultural Science, VII, vol. 1, p. 84...89, 1996.

Priilinn O., Enno T. Geneetiline rekombinatsioon sordiaretuses. – Akadeemilise Põllumajanduse Seltsi Toimetised 4, Tartu, lk. 73...76, 1997.

Smirnov, Sosnihhina: Смирнов В. Г., Соснихина С. П. Генетические коллекции растений и их использование. – Сб. Общие проблемы биологии. Т. 2. Модели и объекты биологических исследований. (Генетические коллекции растений.) М.: ВИНТИ, с. 3...27, 1983.

Genetical Collection of Wheats and its Using in the Institute of Experimental Biology at the Estonian Agricultural University

O. Priilinn, T. Enno, H. Peusha

Summary

Common wheat, *Triticum aestivum* L. em. Thell., is one of the most important source of food in the world. In recent decades the genetic variation of cultivated wheat has been greatly eroded under modern agricultural systems. Genetic erosion not only limits the further improvement of yield and quality but also makes wheat increasingly vulnerable to biological and environmental stresses. A large amount of genetic variation exists in the wild relatives of cultivated wheat. The introduction of genetic variation from alien species has been a valuable method for increasing amount of genetic diversity available to wheat breeders.

The wild relatives of wheat can be classified on the basis of their genomic constitutions into primary, secondary and tertiary gene pools.

The primary gene pool of *Triticum aestivum*, $2n=6x=42$ (genome formula AABBDD) consists of three diploid genomes: A-genome donor *Triticum monococcum* (including var. *boeoticum* and var. *urartu*), B-genome donor *Aegilops speltoides* (the supposition that *A. speltoides* was the source of the B genome is no longer accepted by most cytogeneticists; at the same time, no other species that could be regarded without any doubt as the source of genome B has been found so far), and D-genome donor *Triticum tauschii* (syn. *Aegilops squarrosa*). Genes from the primary pool can be transferred by direct hybridization, homologous chromosome recombination, backcrossing and selection.

The secondary gene pool consists of closely related, mostly polyploid *Triticum* and *Aegilops* species that share one genome in common with wheat (*T. timopheevii*, *T. militinae* etc.). Genes from the secondary pool can be transferred by direct crosses and selection if they are located in an homologous genome. However, if they are present in a non-homologous genome, special cytogenetic manipulations are required.

The tertiary gene pool includes the diploid and polyploid species containing genomes that are nonhomologous to those of wheat.

The preservation and maintainance of the wild and cultivated wheat species in the Gene Banks is the important problem of wheat geneticists and breeders.

The Plant Genetics Department (Institute of Experimental Biology at the Estonian Agricultural University) possesses of a small collection of wheat accessions, provided from VIR (Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russia):

T. monococcum ($2n=14, A^b$) – 5 acc.

T. dicoccoides ($2n=28, A^uB$) – 1 acc.

T. dicoccum ($2n=28, A^uB$) – 1 acc.

T. durum ($2n=28, A^uB$) – 2 acc.

T. persicum ($2n=28, A^uB$) – 3 acc.

T. timopheevii ($2n=28, A^bG$) – 1 acc.

T. militinae ($2n=28, A^bG$) – 1 acc.

These species are accessible sources of genes for use in wheat improvement as donors of new genes for disease resistance, higher protein contents etc.

The set of 21 monosomic aneuploid lines of Chinese Spring, which have been using as the recipient tester variety for genetic analysis of common wheat varieties.

The set of near-isogenic lines “Chancellor” with known genes of resistance to powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*).

The mutant line *ph1b* evidently deficient for the pairing suppressor *Ph1* “pairing homoelogenous” locus.

The introgressive lines of common wheat selected from the progeny of wide hybrids: *T.aestivum* × *T.timopheevii* and *T.militinae*. Some of these lines are characterized with resistance to leaf rust and powdery mildew. Genes, conferring resistance to disease in these introgressive lines were located on definite chromosomes with the use of monosomic analysis.