

# TASAKAALUSTATUD ARENGU GENEETILISI ASPEKTE TAIMEKAITSES

O. Priilinn

Taimeneeetika ja -aretuse üheks tähtsamaks ülesandeks tänapäeval on süvendada uurimusi laia adaptiivse potentsiaaliga sortide saamiseks, mis maksimaalselt kasutaksid kohalikke tingimusi. Eesti praegustes oludes on vaja arvestada ka muutusi taimekasvatuses laiemas plaanis. Teatavasti taotleti veel hilisperioodil taimekasvatuse igakülgset kemiseerimist. Totaalne kemiseerimine võimaldas kiiresti suurendada saagikust, kuid tõi kaasa mitmeid negatiivseid tagajärgi. Käesoleval ajal kasutatakse mineraalväetisi ja teisi keemilisi aineid tunduvalt vähem, ja seepärast vajavad enam tähelepanu mulla bioloogilised omadused, taimsortide kohastumisvõime ning taimede vastupidavus muutuvates kasvutingimustes. Aktuaalse probleemina jääb päevakorda võitlus taimehaigustega. Taimehaiguste tõrje kõige odavam ja efektiivsem viis on haiguskindlate sortide loomine. Geneetiliselt tagatud taimekaitse on ökoloogiliselt puhas, ökonoomne ja ratsionaalne. Haiguskindluse püsivuse probleeme teraviljade sordiaretuses on hiljuti spetsiaalselt käsitlenud Mati Koppel (1998), analüüsides võimalusi ja võtteid teraviljade resistentsusaretuses stabiilse haiguskindlusega sortide saamiseks. Teraviljade haiguskindluse strateegiast tuleneb, et haiguskindluse aretuse peamiseks tendentsiks peab olema sortide geneetilise aluse laiendamine, erinevate geenide kasutamine (Peuša, 1998). Nisuaretuses täheldatakse viimastel aastatel efektiivsete resistentsusgeenide defitsiiti. Senituntud nn. täielikku resistentsust tagavad geenid ei kindlusta enam sortide püsivat haiguskindlust, kuna toimub pidev parasiidi kohanemine ja virulentsete kloonide valik. Erilist huvi haiguskindluse doonoritena pakuvad kultuurtaimede looduslikud sugulasliigid, mis kannavad resistentsusgeene. Geneetika ja biotehnoloogia uute meetodite kasutamine avab laialdasi võimalusi resistentsusaretuses looduslike sugulasliikide geneetilise materjali ületoomiseks, uute geeniasotsiatsioonide loomiseks ja geenide identifitseerimiseks (Järve ja Timofejeva, 1996; Truve, 1996; Enno, 1998; Priilinn ja Küüts, 1998). Resistentsusgeenide ületoomisel kultuursortidesse on tähtis teha kindlaks nende asukoht ja nad identifitseerida ning saada ülevaade haiguskindluse geneetilisest kontrollist. Sellesuunaline uurimisprojekt on Eesti Teadusfondi toetusel täitmisel EPMÜ Eksperimentaalbioloogia Instituudi taimegeneetika osakonnal koostöös Jõgeva Sordiaretuse Instituudiga. Viimastel aastatel on Eksperimentaalbioloogia Instituudi geneetikud uurinud erineva ploidsusastmega liikide ristamisbarjääride ületamise ja erinevate genoomide teatud osa ühendamise võimalusi ning rekombinatsioonimehhanisme ja lokaliseerinud ning identifitseerinud uusi resistentsusgeene pehme nisu genoomis (Enno jt., 1999). Test-isolaatide meetodil analüüsiti 114 Jõgeva Sordiaretuse Instituudi kollektisoonis oleva pehme nisu sordi ja aretusliini jahukastekindlust ning selgitati resistentsusgeenid ja nende kombinatsioonid (Peusha, jt., 1997). Esimese uue jahukastekindlust kontrolliva dominantse geeni leidis vanemteadur Hilma Peuša itaalia sordi 'Virest' kromosoomis 1D. Varem ei olnud selles kromosoomis leitud ühtegi seni tuntud *Pm* geeni. Uus resistentsusgeen sai tähistuse *Pm22* ning kanti rahvusvahelisse nisu geenikataloogi (Austraalia, prof. R. A. McIntosh). Uurimistulemused selle kohta ilmusid ajakirjas "Euphytica" (Peusha jt., 1996). Möödunud aastal registreeriti taimegeneetika osakonnas kindlaks tehtud kaks uut jahukaste resistentsusgeeni. Esimene neist lokaliseeriti *Triticum timopheevii* baasil saadud suvinisu introgressiivse liini 146-155T kromosoomis 6B (Enno jt., 1998). Molekulaarseid markereid ja mikrosatelliitanalüüsi kasutades näidati vanemteadur Kadri Järve uurimisrühmas selle hübriidliini haiguskindluse geneetilist seotust genoomi translotseeritud *T. timopheevii* kromosoomi 6G segmendiga. Saadud tulemust kinnitas ka F2 põlvkonna taimede DNA analüüs. Uus dominantne resistentsusgeen sai tähistuse *Pm27* ja kanti juulikuus rahvusvahelisse geenikataloogi (Järve jt., trükkis).

1999. a. võeti Eesti sordilehte uus suvinisu sort 'Meri', mis aretati Jõgeval koostöös Soome aretusfirmaga Boreal. Sorti iseloomustab hea jahukaste- ja pruunroostekindlus (Ingver jt., 1999). Jahukastekindluse geneetilise kontrolli selgitamiseks viidi Harkus läbi monosoomanalüüs. Uurimisel selgus, et sordi 'Meri' jahukastekindlust kontrolliv dominantne geen asub kromosoomis 1B. Geen sai tähistuse *Pm28* ja kanti detsembris rahvusvahelisse geenikataloogi. Uurimistulemused ilmuvad ajakirjas "Hereditas" (Peusha jt., 2000).

Haiguskindlust tagavate geenide lokaliseerimine ja identifitseerimine on tähtis põllumajanduse praktika jaoks, nimelt sortide planeerimise strateegia mõttes. Sest ainult neil juhtudel, kui sordid on kaitstud erinevate efektiivsete resistentsusgeenidega võib ära hoida epifütootia teket ja suuri saagikadusid haiguspuhangute korral. Uurimistulemused annavad ka tänuväärset materjali sortide valikuks aretuses, võimaldades luua erineva geneetilise alusega sorte ja vähendada nende geneetilist siduvust. Resistentsusgeenide identifitseerimine on eduka resistentsusaretuse eelduseks. Seepärast vajab see uurimissuund arendamist.

Uurimiste edasist süvendamist ja noorte spetsialistide kaasamist taimede rakutehnoloogia ja molekulaargeneetika alal pidurdab praegu puudulik finantseerimine, mis ei võimalda täiel määral rakendada olemasolevaid vaimseid ressursse ja meetoodilisi võimalusi ning muretseda tööks vajalikke keemilisi reaktiive.

## Kirjandus

- Enno, T. Pehme nisu genofondi rikastamine kromosoomtehnoloogia meetoditega. –Teraviljade geneetika ja aretuse aktuaalsed probleemid. Harku, lk. 19...28, 1998.
- Enno, T., Peuša, H., Priilinn, O., Kiiüts, H. Nisu haiguskindluse geneetika ja aretus. – Eesti Vabariigi teaduspreemiad. – Tallinn, lk. 52...58, 1999.
- Enno, T., Peusha, H., Timofeyeva, L., Tohver, M., Jakobson, I., Priilinn, O. Identification of chromosomal translocations in common wheat, derivative of *Triticum timopheevii*. – Acta Agronomica Hungarica, 46, 3, 209...216, 1998.
- Ingver, A., Koppel, R., Kiiüts, H. Uus Soome-Eesti suvinisu sort 'Meri'. – Põllumajandus, nr. 5, lk. 1, 1999.
- Järve, K., Peusha, H., Tsybalova, J., Tamm, S., Devos, K. M., Enno, T. Chromosomal localization of the translocation conferring powdery mildew resistance in a *T. timopheevii* – derived introgressive wheat line. Genome (trükis).
- Järve, K., Timofejeva, L. Resistentusgeenide molekulaargeneetiline analüüs kultuurtaimedes. – Kaasaja meetodid sordiaretuses. – Jõgeva, lk. 63...67, 1996.
- Koppel, M. Haiguskindluse püsivuse probleem teraviljade sordiaretuses. – Teraviljade geneetika ja aretuse aktuaalsed probleemid. Harku, lk. 36...44, 1998.
- Peuša, H. Teraviljade haiguskindluse tõstmise strateegia. – Teraviljade geneetika ja aretuse aktuaalsed probleemid. Harku, lk. 29...35, 1998.
- Peusha, H., Enno, T., Priilinn, O. Chromosomal location of powdery mildew resistance genes and cytogenetic analysis of meiosis in common wheat cultivar Meri. Hereditas, 132:1, 2000 (trükis).
- Peusha, H., Hsam, S. L. K., Zeller, F. J. Chromosomal location of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). III. Gene *Pm22* in cultivar 'Virest'. – Euphytica, 91, p. 149...152, 1996.
- Peusha, H., Ingver, A., Priilinn, O. Screening for powdery mildew resistance in common wheat cultivars and breeding lines. – Annual Wheat Newsletter, USA, Kansas State University, 43, p. 96...100, 1997.
- Priilinn, O., Kiiüts, H. Teraviljade geneetika ja aretus aastatuhande vahetusel. – Teraviljade geneetika ja aretuse aktuaalsed probleemid. – Harku, lk. 6...18, 1998.
- Truve, E. Molekulaarsed meetodid põllumajanduskultuuride haiguskindluse suurendamisel. – Kaasaja meetodid sordiaretuses. – Jõgeva, lk. 55...62, 1996.

Uurimust toetab Eesti Teadusfond (grandi nr. 3162).

## Genetic Aspects of Sustainable Development in Plant Protection

O. Priilinn

Summary

A data of identification the powdery mildew resistance genes in some common wheat cultivars is presented.

To characterize powdery mildew resistance of some common wheat cultivars and to determine the chromosomal location of the genes, monosomic analysis was carried out using the set of Chinese Spring monosomic lines. The obtained results revealed that one major dominant gene is located on the 1D chromosome in cv. Virest, this new gene was designated as *Pm22*. Introgressive wheat line 146-155-T, derivative of *Triticum timopheevii*, has dominant gene *Pm27*, located on the 6B chromosome. Cultivar Meri has resistance gene located on the 1B chromosome, designated by symbol *Pm28*.

The importance and prospects of resistance genes location on wheat chromosomes using monosomic genetical analysis are considered.