

УДК 630.181.7:634.5

**ПОЛИМОРФИЗМ БЕЛКОВ КЛУБНЕЙ КАРТОФЕЛЯ
И ВОЗМОЖНОСТИ ЕГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ
В СЕЛЕКЦИИ И СЕМЕНОВОДСТВЕ**

Дементьева З.А., – научный сотрудник
*Всероссийский научно-исследовательский институт
картофельного хозяйства им. А.Г. Лорха*

В статье приведена характеристика запасных белков клубней картофеля как генетических маркеров различных генотипов картофеля, отмечена закономерность изменения компонентного состава белковых спектров в зависимости от происхождения. Информация, получаемая на основе белковых маркеров, имеет большие перспективы для широкого ее использования в селекции картофеля при планировании скрещиваний, а также при решении вопросов о сортовой типичности оздоравливаемого и размножаемого материала в процессе оригинального семеноводства.

Demytyeva Z.A. Polymorphism of soluble potato tuber protein: potentials of their using for potato breeding and original seed production. The soluble potato tuber proteins are characterized as genetic markers of different potato genotypes. There is regularity in the changing of component content of electrophoretic protein profiles depending on variety parentage. Information, which is obtained on the base of soluble tuber proteins, can be made good use for the potato breeding and original seed production.

Во всем мире картофель является одной из главных и основных возделываемых культур. Традиционно селекция картофеля ведется по фенотипическим признакам, даже несмотря на бурное развитие молекулярно-генетических маркеров (Nosaka et al., 1994). Исследование полиморфизма запасных белков и изоферментов является одним из важнейших путей получения информации о генотипе (Конарев, 1983, Созинов, 1985). Белки – первые продукты экспрессии генетических систем, надежно отражающие специфику генотипов. Поэтому полиморфизм растворимых белков клубней является мощным инструментом для изучения генетической вариабельности видов и сортов картофеля, успешно применяемым в мировой практике (Barta, 2003).

Главным критерием использования запасных белков клубней в селекции и семеноводстве картофеля является то, что каждой сорт имеет определенный, присущий только ему белковый спектр, независимый от усло-

вий выращивания и хранения. Для электрофоретического анализа и электрофокусирования при этом используются зрелые, среднекрупные клубни в состоянии покоя, отобранные от визуально здоровых растений картофеля.

В электрофоретических спектрах запасных белков представлены одновременно многие ферментные системы, обильные в паренхиме клубней. Поэтому вместо того, чтобы выполнять отдельный анализ более десятка изоферментных систем одного и того же сорта, гораздо проще и разумнее провести один анализ: исследовать растворимые белки клубней. Это подтверждается литературными данными, согласно которым тысячи сортов европейских каталогов (Stegemann, Schnick, 1982; 1985) и еще большее количество образцов гермоплазмы Международного центра по картофелю СІР (Лима, Перу) (Huamann, Stegemann, 1989) были идентифицированы за один этап на основе электрофоретических спектров белков и изоэстераз клубней.

В научно-исследовательском институте картофельного хозяйства им. А.Г. Лорха за последние годы на основе белковых маркеров было исследовано более 250 различных сортов и гибридов картофеля. Было показано, что межсортовые различия по спектрам, как правило, ярко выражены, что позволяет без труда дифференцировать сорта (рис. 1).

Установлено, что основная масса растворимых запасных белков клубней относится к медленно- и среднеподвижным. В общей сложности в генофонде изученных сортов идентифицировано 63 варианта растворимых белков клубней, неравномерно распределенных среди генотипов картофеля: от 17 до 43 в зависимости от сорта, для каждого из которых характерен свой индивидуальный компонентный состав. При этом, чем больше сорта различаются морфологически, тем большие различия наблюдаются по компонентному составу. Исключением из правила являются соматические мутанты, которые, имея порой кардинальные морфологические отличия по

какому-либо признаку (например, изменение окраски цветка, кожуры клубня, морфологии листа, мутационное изменение кожуры типа «russet» и т.д.), обнаруживают идентичные или слабо различающиеся спектры.

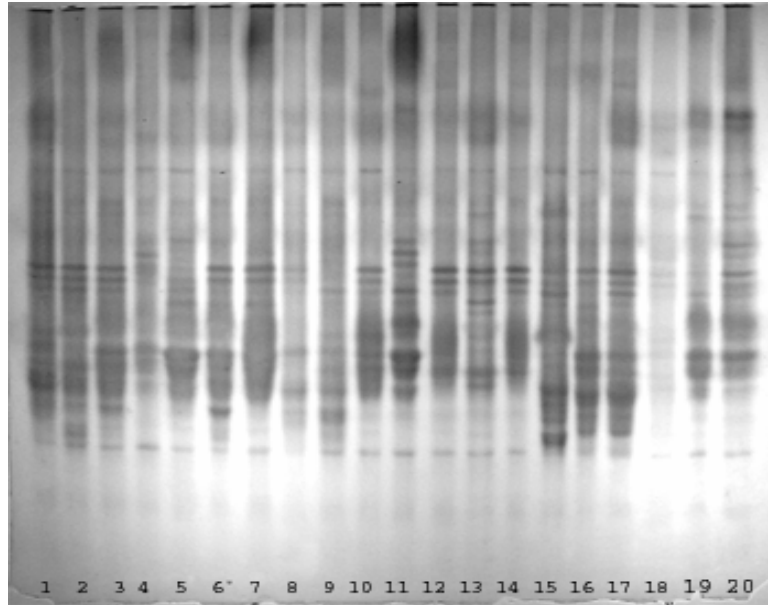


Рис. 1. Полиморфизм запасных белков клубней картофеля, выявляемый при помощи электрофореза в полиакриламидном геле по В.Д. Дэйвис (1964) : 1. – Невский; 2. – Луговской; 3. – Рождественский; 4. – Пушкинец; 5. – Елизавета; 6. – Петербургский; 7. – Ладожский; 8. – Сказка; 9. – Аврора; 10. – Оредежский; 11. – Лина; 12. – Весна; 13. – Чернский; 14. – Брянский красный; 15. – Брянский надежный; 16. – Погарский; 17. – Слава Брянщины; 18. – Астия; 19. – Победа; 20. – Образец на сортоопределение

Проведенный анализ показал, что в группах близкородственных образцов количество идентичных полос в спектрах наибольшее. Так, например, доля идентичных полос в спектре сортов-сисбсов Москворецкий и Колобок составляет 93%. Но, тем не менее близкородственные сортообразцы надежно различаются как минимум по нескольким полоскам электрофоретического спектра запасных белков клубней.

Было отмечено, что характерной особенностью является то, что во многих случаях сорта более раннеспелые имеют меньшее количество полос, или же некоторые полосы у них проявляются в следовых количествах.

Скрытые генетические взаимосвязи исследованных сортов картофеля были прослежены на основе генетических дистанций между ними, рассчитанных с использованием программы StatSoft Statistica 6.0. (UPGMA-

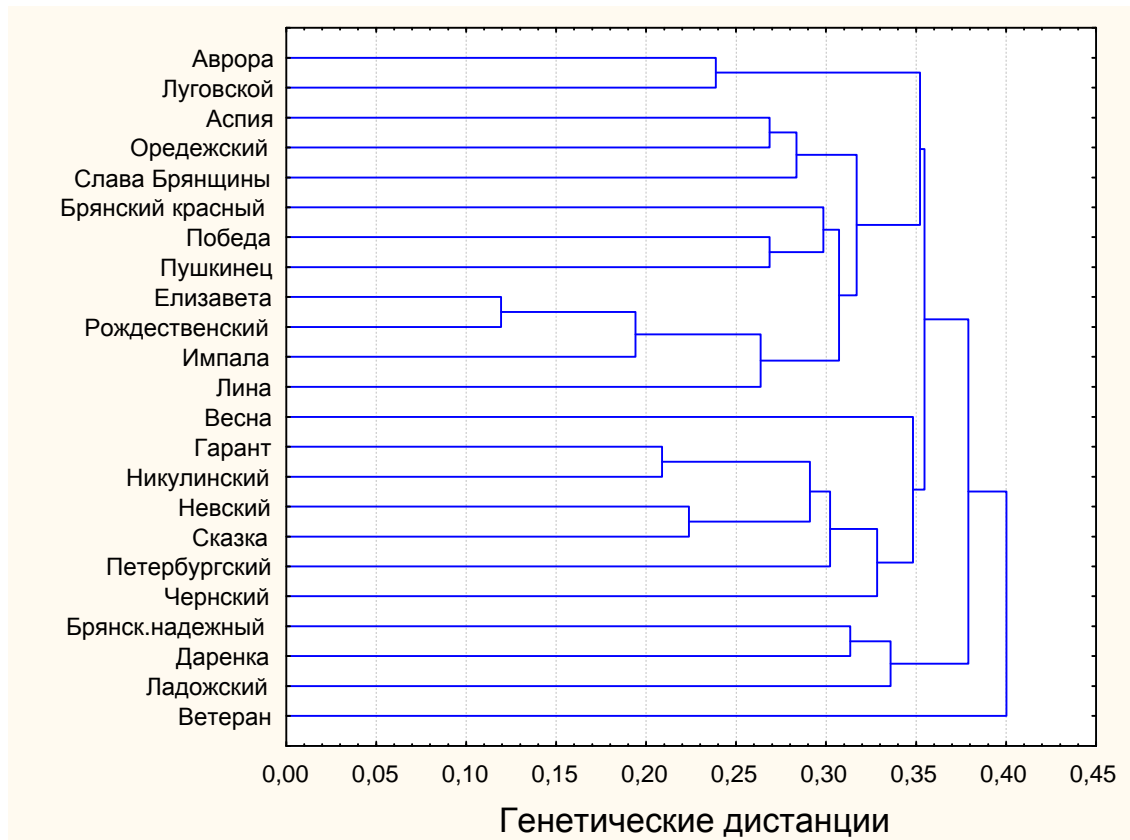


Рис. 2. Скрытые генетические взаимоотношения некоторых сортов картофеля, выявляемые на основе UPGMA-метода

Было установлено, что белковые маркеры имеют неодинаковую разрешающую способность в различении генотипов разного происхождения. Как правило, сорта, полученные в результате гибридизации разных родительских форм достаточно сильно различаются по спектрам. В среднем генетические дистанции между такими генотипами равны 0,35-0,40 единиц. Близкородственные сорта (сибсы и полусибсы) также имеют индивидуальные спектры, позволяющие уверенно их различить, однако расстояния между ними в большинстве случаев не превышают 0,25-0,28. В случае анализа генотипов мутантной или вариантной природы в сравнении с исходными генотипами трудно установить различия по спектрам запасных белков клубней, а следовательно, и генетические дистанции между ними либо были нулевыми, либо не превышали 0,04. При этом, малое расстояние между генотипами является несомненным доказательством того, что мутантная или вариантная линия произошла от данного сорта, и никогда не может быть каким-либо другим сортом, полученным в результате гибридизации.

Таким образом, можно сделать вывод, что появившийся в посадках картофеля фенотипически отклоняющийся клон и отличающийся от «материнского» генотипа сразу по нескольким компонентам белкового спектра, категорически является сортовой примесью, но никогда не может быть вариантом линии или соматическим мутантом основного сорта. И наоборот, если два считающиеся разными генотипами образца, обнаруживают некоторые очевидные морфологические отличия, но имеют идентичные спектры сразу по многим молекулярно-генетическим системам, в особенности по чрезвычайно полиморфным белкам клубней, – это верное доказательство, что один из них – соматический мутант, сомаклон или клоновый вариант другого.

Теоретически маловероятно, что в результате случайного расхождения гамет в мейозе сформируются одинаковые генотипы, имеющие абсолютно идентичные белковые спектры, однако с другой стороны, появление сортов, полученных от разных родителей, но имеющих сходные спектры, полностью нельзя отрицать, поскольку, как известно, большинство генов передается не поодиночке, а целыми кластерами. Так, было выявлено, что неродственные сорта Рождественский (Санкт-Петербург) и Импала (Голландия) имеют много общих полос в спектрах, а генетическое расстояние между ними (0,12) сходно с таковым близкородственных генотипов. Это может служить свидетельством того, что селекция картофеля в настоящий момент постепенно выходит на некоторое селекционное плато, и селекционеры при скрещивании разных сортов не вовлекают в селекционный процесс ничего нового, в том числе не затрагиваются и многие агрономически важные гены, присущие диким видам.

Полученная информация о генетических дистанциях может служить прекрасным помощником для селекционеров и семеноводов картофеля. Так, при планировании селекционного процесса следует принять во внимание, что существует большая вероятность того, что скрещивание сортов

или гибридов, имеющих в парах наибольшие генетические дистанции, может привести к достижению максимального эффекта гетерозиса. Таким образом, можно, например, рекомендовать следующие пары для скрещивания: Букет x Герань (генетическое расстояние 0,54), Жуковский ранний x Герань (0,51), Даренка x Чернский (0,51), Ветеран x Никулинский (0,49), Ветеран x Невский (0,48) и другие.

Более того, информация о генетических дистанциях между близкородственными генотипами также может быть использована при планировании скрещиваний. Так, в ряде случаев между полусибсами генетические расстояния сравнительно велики и достигают 0,32 единиц, что сравнимо с таковыми неродственных генотипов. А следовательно, они также могут быть вовлечены в селекционные программы на достижение гетерозиса. С другой стороны, скрещивание близкородственных генотипов, обладающих определенным хозяйственно-важным признаком и имеющих в парах наименьшие генетические дистанции, поможет, вероятно, скорее добиться эффекта гомозиготизации желаемого признака. Исследования в этом направлении в настоящее время продолжаются.

Таким образом, знание закономерностей изменения компонентного состава спектров в зависимости от происхождения могут быть использованы при решении большого количества вопросов, связанных с экспресс-идентификацией генотипов, возникающих в практической деятельности различных селекционных и семеноводческих групп. В частности, молекулярно-генетическое маркирование при помощи белковых маркеров перспективно как для использования в селекционных программах, так и для мониторинга сортовой принадлежности и сортовой чистоты материала на всех этапах семеноводческой работы и при сертификации семян. Вполне очевидно, что до официальной регистрации и широкого распространения каждый сорт должен пройти идентификацию по стандартной методике на основе молекулярно-генетических маркеров. Это заметно упростит про-

блемы, связанные с доказательством аутентичности сорта и поможет предотвратить случайное распространение сортов-двойников.

Тем не менее, несмотря на несомненные преимущества, молекулярно-генетический анализ не должен использоваться как противопоставление или исключение оценки сортовой принадлежности с помощью обычных морфолого-физиологических признаков при идентификации генотипов. На практике, стандартные морфологические признаки, используемые в сортовой идентификации, могут и должны быть дополнены белковыми маркерами, поскольку ни один молекулярно-генетический анализ не сможет заменить полевую оценку материала, и поэтому в работе он должен рассматриваться как дополнительный.

Список использованной литературы

1. Barta J., Curn V., Divis J. Study of biochemical variability of potato cultivars by soluble protein, isoesterase, and isoperoxidase electrophoretic patterns. // *Plant Soil. Environ.* – 2003 (5). – V. 49. – P. 230-236.
2. Davis B.J. Disc electrophoresis to human serum protein. // *Ann. N.-Y. Acad. Sci.* – 1964. – V. 121. – P. 404-427.
3. Hosaka K., Ogawa K. Genetic diversity in Japanese and North American potato cultivars evaluated by RAPD analysis. // *Sci. Rep. Fac. Agr. Kobe Univ.* – 1994. – V. 21. – P. 39-42.
4. Stegemann H., Schnick D. Index 1982 of European potato varieties. В. – 1982. – 220 pp.
5. Stegemann H., Schnick D. Index 1985 of European potato varieties. / *Mitteilungen der Biologische Bundesanstalt.* – 1985. – V. 227. – 128 pp.
6. Конарев В.Г. Белки растений как генетические маркеры. – М.: Колос, 1983. – 320 с.
7. Созинов А.А. Полиморфизм белков и его значение в генетике и селекции. – М.: Наука, 1985. – 272 с.