

САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР РАН

САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ ВСЕРОССИЙСКОГО ОБЩЕСТВА ГЕНЕТИКОВ

И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ

РУССКОЕ БОТАНИЧЕСКОЕ ОБЩЕСТВО

БОТАНИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ имени В.Л.КОМАРОВА РАН

ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ РАСТЕНИЕВОДСТВА
имени Н.И.ВАВИЛОВА

ХРОМОСОМЫ И ЭВОЛЮЦИЯ

симпозиум памяти Григория
Андреевича Левитского
(1878-1942)



Санкт-Петербург
2008

АНАЛИЗ ПОЛИПЛОИДНОЙ ПРИРОДЫ МЕКСИКАНСКИХ ВИДОВ КАРТОФЕЛЯ СЕРИЙ *DEMISSA* И *LONGIPEDICELLATA*

Г. Пендинен¹, Т. Гавриленко¹, Дж. Джиаминг², Д. Спунер³

¹Всероссийский Научно-Исследовательский институт Растениеводства им. Н.И.Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. pendinen@mail.ru; t.gavrilenko@yahoo.com; ²Department of Horticulture, University of Wisconsin, 1575 Linden Drive, Madison, Wisconsin, 53706-1590; jjiang1@wisc.edu; ³USDA Agricultural Research Service, Department of Horticulture, University of Wisconsin, 1575 Linden Drive, Madison, Wisconsin, 53706-1590; David.Spooner@ARS.USDA.GOV

Виды картофеля принадлежат к секции *Petota* рода *Solanum*. Из ~190 видов картофеля 36% являются полиплоидами (1). Представления о природе полиплоидных видов секции *Petota* и их геномном составе были сформированы на основе результатов традиционных цитологических исследований конъюгации хромосом (2-6). Согласно гипотезе Matsubayashi (7) все диплоидные виды картофеля имеют геном А или его минорные варианты, различающиеся криптическими структурными изменениями хромосом. Диплоидный вид *S. verrucosum* рассматривается как предполагаемый предок компонентного генома А мексиканских полиплоидов (3). Общее происхождение этих видов подтверждается данными анализа полиморфизма пластидной ДНК (8), результатами AFLP анализа (9), сходством морфологических признаков и общностью географического ареала. В качестве донора В субгенома мексиканских полиплоидов рассматривались древние примитивные мексиканские виды (10), а также *S. cardiophyllum* (5). Экспериментальных доказательств предложенным гипотезам предоставлено не было. Еще меньше экспериментальных данных получено о геномном составе южно-американских полиплоидных видов серии *Acaulia*. Представления об их геномном составе и полиплоидной природе также основываются на классических исследованиях мейоза (2-5; 7; 11). Целью наших исследований было изучение эволюции геномов ряда полиплоидных видов картофеля с использованием методов молекулярной цитогенетики. Такие исследования естественных полиплоидов картофеля ранее не предпринимались.

Гибридизация митотических и мейотических хромосом полиплоидов была проведена в различных сериях GISH экспериментов с дифференциально меченой ДНК диплоидных видов, предполагаемых предков тетра- и гексаплоидных видов (12).

Проведенный нами GISH анализ мексиканских тетраплоидных ($2n = 4x = 48$) видов серии *Longipedicellata* (*S. stoloniferum* и *S. hjertingii*) показал, что эти виды обладают двумя не идентичными диплоидными субгеномами. Первый субгеном (А) имеет высокую степень гомологии с геномом *S. verrucosum*, второй субгеном (В) гомологичен геному мексиканских диплоидных видов серии *Pinnatisecta* (*S. jamesii*, *S. cardiophyllum* и *S. ehrenbergii*) (12). GISH анализ показал, что *S. stoloniferum* характеризуется бивалентным мейозом; межгеномных ассоциаций хромосом не выявлено (12). Эти результаты позволили заключить, что *S. stoloniferum* и *S. hjertingii* являются строгими аллотетраплоидами; их геномы произошли в результате объединения двух различных геномов (А и В). Кроме того, для двух пар хромосом субгенома В этих аллотетраплоидных видов выявлена частичная гомология с геномом диплоидных видов серии *Piurana* (*S. andreaenum* и *S. piurae*) (12).

Следующий этап состоял в анализе геномного состава мексиканских гексаплоидных ($2n = 6x = 72$) видов. Следует отметить, что различия гексаплоидных видов между собой отмечены при изучении их морфологии, а также в цитогенетических и молекулярных исследованиях, что привело к различиям в трактовках их таксономической принадлежности. Так, Букасов отнес *S. demissum* к серии *Demissa*, а *S. schenckii* – к серии *Longipedicellata* (13). Спунер с соавторами

относят *S. iopetalum*, *S. schenckii*, *S. hougssii* к группе *Iopetala*, а *S. demissum* – к группе *Acaulia*, объединяя вместе с южно-американским тетраплоидным видом *S. acaule* (14). Тогда как, Хокс относит все мексиканские гексаплоидные виды к серии *Demissa* (10).

Результаты GISH мейотических хромосом *S. hougssii* с ДНК *S. verrucosum* и *S. jamesii* выявили гомологию одного из его субгеномов геному А *S. verrucosum*, и другого субгенома – геному В *S. jamesii*. Результаты GISH мейотических хромосом *S. hougssii* с ДНК генома А *S. verrucosum* в комбинации с ДНК диплоидных видов серии *Piurana* (*S. andreanum*, *S. piurae*, *S. pascoense*) позволили выявить частичную гомологию между геномами этих видов и 6-тью парами хромосом *S. hougssii*. Результаты GISH-анализа с использованием ДНК *S. stol oniferum* в комбинации с ДНК *S. andreanum* и *S. pascoense* были сходными: 6 пар хромосом *S. hougssii* имеют участки гибридизации с ДНК *S. andreanum* или ДНК *S. pascoense*. Исходя из результатов GISH, можно заключить, что один субгеном гексаплоидного вида *S. hougssii* гомологичен геному А, один субгеном гомологичен геному В. Кроме того, 6 хромосом этого вида имеют частичную гомологию с ДНК диплоидных видов серии *Piurana*.

GISH-анализ мейотических хромосом *S. schenckii* с ДНК *S. verrucosum* в комбинации с ДНК *S. jamesii* и *S. ehrenbergii* (В геном), позволяют сделать предварительное заключение о гомологии одного субгенома *S. schenckii* геному А, другого субгенома – геному В. Результаты GISH мейотических хромосом *S. schenckii* с ДНК генома А *S. verrucosum* в комбинации с ДНК диплоидных видов серии *Piurana* (*S. andreanum*, *S. pascoense*, *S. piurae*) позволили выявить частичную гомологию ДНК этих видов с 4-мя парами хромосом *S. schenckii*.

Предварительный GISH-анализ митотических и мейотических хромосом *S. iopetalum* выявил гомологию одного генома этого вида геному А *S. verrucosum*. Кроме того, GISH-анализ выявил частичную гомологию 5ти пар хромосом *S. iopetalum* с ДНК диплоидных видов серии *Piurana* (*S. andreanum*, *S. pascoense*, *S. piurae*).

Таким образом, гексаплоидные виды *S. schenckii* и *S. hougssii* являются аллополиплоидными видами, один субгеном которых гомологичен геному А, второй субгеном – гомологичен геному В диплоидных видов. Возможно, эти виды имеют общее происхождение с аллотетраплоидными видами *S. stoloniferum*, *S. hiertingii* (AABB). Кроме того, значительные фрагменты хромосом *S. iopetalum*, *S. schenckii* и *S. hougssii* гомологичны геному диплоидных видов серии *Piurana*, что позволяет предположить участие общего предкового вида как в эволюции полиплоидных видов группы *Iopetala*, так и диплоидных видов серии *Piurana*.

GISH как митотических, так и мейотических хромосом *S. demissum* с ДНК *S. verrucosum* или *S. stenotomum* (А геном) в комбинации с ДНК *S. jamesii* не выявили гомологии с геномом В *S. jamesii*. Все хромосомы *S. demissum* гибридизовались с ДНК генома А *S. verrucosum* (или *S. stenotomum*). GISH *S. demissum* в комбинации с ДНК генома А *S. verrucosum* и с ДНК диплоидных видов серии *Piurana* (*S. andreanum*, *S. piurae*, *S. pascoense*) не выявили гомологии хромосом *S. demissum* с ДНК видов серии *Piurana*. Результаты GISH анализа позволяют предположить, что субгеномы гексаплоидного вида *S. demissum* близки между собой и имеют высокую степень гомологии геному А. Наши результаты указывают, что донорами субгеномов *S. demissum* были только А-геномные виды. Несмотря на высокую степень гомологии субгеномов *S. demissum*, для этого вида характерна бивалентная конъюгация, что может свидетельствовать о наличии генетической системы, регулирующей конъюгацию хромосом субгеномов.

Как указывалось выше, ряд фактов указывает на общее происхождение мексиканского гексаплоидного вида *S. demissum* и южно-американского тетраплоидного вида *S. acaule* ($2n = 4x = 48$)

Гибридизация митотических хромосом *S. acaule* с ДНК *S. verrucosum* в комбинациях с ДНК *S. jamesii* или с ДНК *S. andreanum* выявили гомологию хромосом обоих субгеномов *S. acaule* геному А *S. verrucosum*. Гибридизация хромосом *S. acaule* с ДНК *S. jamesii*, также как и с ДНК с *S. andreanum*, отсутствовала. Результаты GISH анализа

S. acaule указывают на автополиплоидную природу этого вида; два субгена этого вида высоко гомологичны друг другу и геному *A. S. verrucosum*.

Данные исследования выполнены при поддержке гранта МНТЦ, проект 3329.

Литература

1. *Hijmans R., Gavrilenco T., Stephenson S., Bamberg J., Salas A., Spooner D.M.* 2007. *Global Ecol. Biogeogr.* 16, 485-495
2. *Marks G.E.* 1955. *J. Genet.* 53, 262-269
3. *Marks G.E.* 1965. *The New Phytologist.* 64, 293-306.
4. *Hawkes J.G.* 1958, *Kartoffel: I. Taxonomy, cytology and crossability, Handbuch Pflanzenzüchtung*, Eds. H. Kappert and W. Rudolf, vol. III. Paul Parey, Berlin and Hamburg, 1-43.
5. *Irikura Y.* 1976. *Research Bulletin of the Hokkaido National Agric. Exper. Station.* 115, 1-80.
6. *Ramanna, M.S., Hermsen J.G.Th.* 1981. *Euphytica.* 30, 15-31.
7. *Matsubayashi M.* 1991. *Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution, Part B.* Eds. T. Tsuchiya and P. K. Gupta. Elsevier, Amsterdam, 93-118
8. *Spooner D. M., Sytsma K. J.* 1992. *Systematic Botany.* 17, 432-448.
9. *Kardolus J.P.* 1998. *A biosystematic analysis of Solanum acaule.* Thesis Wageningen, ISBN 90-5485-829-X. 110 p.
10. *Hawkes J.G.* 1990. *The potato: evolution, biodiversity and genetic resources*, Belhaven Press, Oxford, UK
11. *López L.E., Hawkes J.G.* 1991. *Solanaceae III: Taxonomy, Chemistry, Evolution.* Edited by J.G. Hawkes, R.N. Lester, M. Nee, and R. Estrada. Royal Botanic Gardens, Kew, England. pp. 327-346
12. *Pendinen G., Gavrilenco T., Jiang J., Spooner D.M.* 2008. *Genome.* 51, 714-720
13. *Букасов В.С.* 1955. *Проблемы Ботаники.* Изд. АН СССР, М., Л., 318-328
14. *Spooner D.M., Berg R.V., Rodriguez A., Bamberg J., Hijmans R.J., Cabrera S.* 2004. *Systematic Botany Monographs.* V.68.