

16-9755

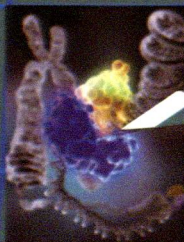
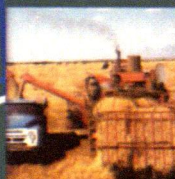
ДУБЛЕТ

Ю.В. Чесноков, В.М. Косолапов

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ И УСКОРЕНИЕ СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА

16-09756

581.16



Москва
2016

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО НАУЧНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ
ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ИНСТИТУТ КОРМОВ им. В.Р. ВИЛЬЯМСА

Ю.В. Чесноков, В.М. Косолапов

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ
И УСКОРЕНИЕ СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА

Москва — 2016

УДК 575.22: 575.116:631.52

ББК 28.54

Ч-51

Чесноков Ю. В., Косолапов В. М. Генетические ресурсы растений и ускорение селекционного процесса. — Москва : ООО «Угрешская типография», 2016. — 172 с.

Представлена информация об исторических предпосылках формирования основных стратегических задач современной селекции растений, парадигмах изучения генетических ресурсов растений (ГРР), а также методах ДНК-типирования, применяемых для анализа биологического разнообразия и исследования взаимоотношений между и/или внутри различных видов, популяций, также как и между отдельными генотипами. Описаны ключевые статистические подходы, которые применяются для оценки генетического разнообразия, выявляемого с помощью молекулярно-генетических маркеров, и рассмотрены теоретические основы маркер-вспомогательной селекции. На конкретных примерах показано как реализуется маркерная помощь селекции при получении новых сортов и линий с улучшенными хозяйственно значимыми характеристиками. Определяется та роль, которую сыграло развитие методов биотехнологий и применение молекулярно-генетических маркеров для исследования геномов в контексте реализации генетического потенциала ГРР в целях практической селекции. Впервые обобщается передовой опыт как зарубежных, так и отечественных исследователей в области изучения и использования генетических ресурсов растений в целях практической селекции. Подчеркивается, что для ускорения селекционного процесса и более действенного улучшения сортов и разновидностей возделываемых культур в самом ближайшем будущем следует ожидать интенсификации комплементарного взаимодополнения между молекулярно-генетическими технологиями и традиционной селекцией растений.

Книга предназначена для студентов и аспирантов биологических и агрономических специальностей вузов, кураторов коллекций, селекционеров, а также специалистов в области молекулярной биологии, математической статистики и генетики растений.

Илл. — 11, табл. — 13, библиограф. — 349 назв.

Рецензенты: академик РАН А. А. Романенко,
академик РАН Н. И. Савельев,
академик РАН М. С. Соколов

ISBN 978-5-91850-055-2

© Чесноков Ю. В., Косолапов В. М.

ОГЛАВЛЕНИЕ

ВВЕДЕНИЕ	3
Глава I. ИСТОРИЧЕСКИЕ ПРЕДПОСЫЛКИ СТРАТЕГИЧЕСКИХ ЗАДАЧ СОВРЕМЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ.....	10
Глава II. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ — ОСНОВА СОВРЕМЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ	19
2.1. Современная парадигма изучения генетических ресурсов растений и методы ее реализации.....	20
2.2. Основные задачи по управлению генетическими ресурсами растений.....	26
2.3. Стратегии по изучению и использованию ГРР	28
Глава III. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ И СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ДНК-ТИПИРОВАНИЯ	32
3.1. Классификация молекулярно-генетических маркеров и основных методов ДНК-типирования.....	33
3.2. Определение хромосомных и других крупных геномных перестроек.....	37
3.3. Полиморфизм длин рестриктных фрагментов	38
3.4. Мини- и микросателлиты.....	42
3.5. Стратегия методов ПЦР	45
3.6. Методы ДНК-фингерпринтинга, основанные на ПЦР	47
3.7. Теоретические основы ПЦР-фингерпринтинга.....	54
3.8. Методы секвенирования	56
3.8.1. Биохимические методы ДНК-секвенирования	57
3.8.2. Масс-спектрометрия	58
3.8.3. Пиросеквенирование.....	59
3.9. Использование маркеров для защиты новых сортов	61
Глава IV. СТАТИСТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ, ВЫЯВЛЯЕМОГО МОЛЕКУЛЯРНЫМИ МАРКЕРАМИ	62
4.1. Концепция аллельных и генотипических частот	65
4.2. Закон генетического равновесия Харди-Вайнберга	66
4.3. Установление полиморфизма, выявляемого молекулярными маркерами	67
4.3.1. Подходы, основанные на прямой оценке профилей электрофоретических полос	69
4.3.2. Измерение полиморфизма.....	69
4.3.3. Информационный индекс Shannon-Weaver.....	70

4.3.4. Коэффициенты симилиарности	70
4.4. Подходы, основанные на подсчете частот аллелей	71
4.4.1. Разнообразие аллелей (A)	72
4.4.2. Эффективный размер популяции (N_e)	72
4.4.3. Гетерозиготность (H)	74
4.4.4. F -статистика	74
4.4.5. Дрейф генов (Nm)	75
4.5. Байесовские оценки генетического разнообразия	76
4.6. Определение генетической дистанции	77
4.7. Взаимоотношения между молекулярной дивергенцией, фенотипической дивергенцией и происхождением	79
4.8. Общие показатели эффективности генетико-селекционного отбора	81
Глава V. НЕКОТОРЫЕ ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ МАРКЕР-ВСПОМОГАТЕЛЬНОЙ СЕЛЕКЦИИ	84
5.1. Основные цели маркер-вспомогательной селекции	86
5.2. Теоретические основы эффективности маркер-вспомогательной селекции для популяции неограниченного размера	89
5.2.1. Количество маркеров, необходимых для выявления QTL: метод Lande и Thompson	90
5.3. Использование MAS для улучшения количественных признаков	92
5.4. Теоретические основы маркер-вспомогательного беккроссирования	96
5.4.1. Интрогрессия одного доминантного гена	97
5.4.2. Уменьшение числа беккроссных поколений	101
5.4.3. Позиции маркеров	101
5.5. Стратегии отбора	102
5.6. Интрогрессия двух доминантных генов	106
5.7. Длина интактного сегмента донорной хромосомы, фланкирующего целевой ген	108
Глава VI. АСПЕКТЫ ПРАКТИЧЕСКОГО ПРИМЕНЕНИЯ МАРКЕР-ВСПОМОГАТЕЛЬНОЙ СЕЛЕКЦИИ	110
6.1. Маркерная помощь при беккроссировании генотипов с моногенным признаком	111
6.2. Маркерная помощь при беккроссировании полигенного признака	113
6.2.1. Перенос хромосомного сегмента, несущего QTL	113
6.2.2. Перенос нескольких хромосомных сегментов	114
6.2.3. Маркерная помощь при отборе по потомству	115

6.3. Маркерная помощь рекуррентной селекции (рекуррентному отбору)	117
6.3.1. Рекуррентный отбор, основанный только на маркерах.....	117
6.3.2. Рекуррентный отбор по аддитивному значению, прогнозируемому с помощью маркеров	118
6.4. Комбинированный отбор, основанный на фенотипе и маркерах	120
6.4.1. Принцип и ожидаемая эффективность.....	120
6.4.2. Результаты проверочного моделирования.....	122
6.4.3. Сравнение на основе создания генотипов	123
6.4.4. Выбор между использованием маркеров и увеличением числа репликаций (репродукции, повторности, воспроизводства)...	123
6.5. Совокупный сегрегационный анализ	124
6.6. Идентификация ассоциаций «маркер-признак»	125
6.7. Блоки сцепленных генов	127
6.8. Этапы принятия решений по идентификации ассоциаций «маркер-признак»	129
6.9. Практические результаты маркер-вспомогательной селекции ...	132
ЗАКЛЮЧЕНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ	142
СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ	148