

О.М. Шабетя кандидат с.-г. наук,
Інститут овочівництва і баштанництва НААН

ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ ГЕНОФОНДУ ОВОЧЕВИХ І БАШТАННИХ РОСЛИН

Представлено результати аналізу складу колекцій овочевих і баштанних рослин генофонду України. Визначено склад колекційних зразків за категоріями та походженням. Запропоновано шляхи цілеспрямованого поповнення та ефективного використання генофонду.

Ключові слова: генетичні ресурси, генофонд, колекція, структура генофонду, колекційний зразок.

Вступ. Збір та збереження генетичного різноманіття рослин має виключно важливе значення як для окремої країни, так і для людства в цілому. Реалізація селекційних програм, кінцевою метою яких є, у першу чергу, вирішення продовольчих, загальноекономічних і навіть соціальних проблем, неможлива без надійних джерел вихідного матеріалу, якими є банки генетичних ресурсів рослин. Колекції генетичних ресурсів мають важливе наукове та освітньо - пізнавальне значення. У зв'язку з цим, роботи по збору, збереженню, вивченню та забезпеченню ефективного використання колекцій генетичних ресурсів є пріоритетними проблемами рослинництва. Нині селекціонери України вирішують завдання по створенню сортів і гібридів овочевих рослин, які мають комплекс господарсько-цінних ознак, основні з яких: висока продуктивність, стійкість до біотичних і абіотичних факторів, висока якість продукції та її конкурентоспроможність в умовах ринку. Вирішення таких завдань неможливе без наявності різноманітного, добре вивченого матеріалу та знань успадкування мінливості ознак.

Мета та завдання досліджень. В Україні формування Національного генетичного банку з овочевих і баштанних рослин розпочато у 1992 р. З метою оптимізації складу та об'єму Національного генбанку, цілеспрямованого поповнення, ефективного використання і збереження цінного генофонду, здійснюється формування колекцій овочевих рослин таких родин як: *Beta*, *Allium*, *Solanacea*, *Brassica*, *Apium* та інші.

© Шабетя О.М., 2012.

Методика досліджень. Досліди закладали згідно методики "Делянки і схеми посева в селекції, сортоиспытании и первичном семеноводстве овощных культур" [1], "Методике опытного дела в овощеводстве и бахчеводстве" [2], "Методике полевого опыта в овощеводстве и бахчеводстве" [3]. Оцінювали сортозразки колекцій за біологічними та морфологічними ознаками у відповідності з "Методическими указаниями по изучению и поддержанию мировой коллекции" (томати, перці, баклажани, лук, корнеплодные, капуста, огурец и т.д.), [4,5,6,7,8,9], "Методикою проведення експертизи сортів на відмінність, однорідність та стабільність (ВОС)" [10]. Технологія вирощування колекційних зразків, обробіток ґрунту і догляд за рослинами усіх культур відповідали прийнятним агроказівкам для даного регіону.

Результати досліджень. Генофонд овочевих і баштанних культур в Україні складається з 7399 колекційних зразків 83-х культур, 73-х ботанічних видів. Означений генофонд зосереджено в установах: Інститут овочівництва і баштанництва НААН, Донецька ДС ІОБ НААН, Дніпропетровська ДС ІОБ НААН, Устимівська ДС ІР ім. В.Я. Юр'єва НААН, ІПОБ НААН.

Найбільші за різноманітністю та кількістю колекції зосереджено безпосередньо в Інституті овочівництва і баштанництва НААН. Це - 4731 колекційний зразок (за даними на 1.01.2012 р.), які ми використовували у наших дослідженнях (рис.1).

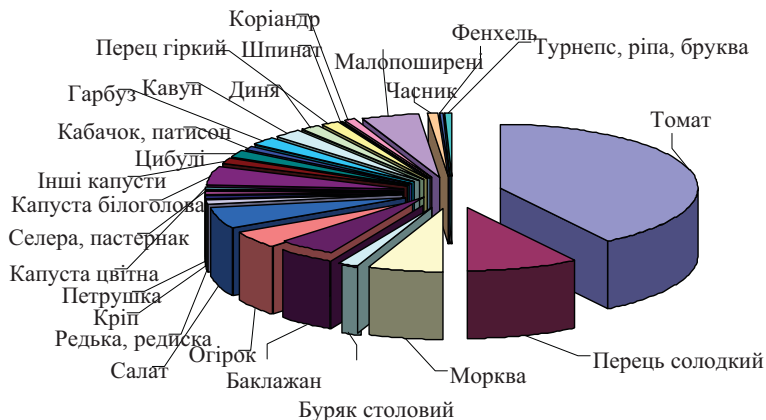


Рис.1 – Склад генофонду овочевих і баштанних рослин за кількістю зразків основних культур.

Структура генофонду овочевих і баштанних культур:

всього – 4731 колекційний зразок,
 українського походження - 2265 колекційних зразків;
 селекційні сорти - 2495 колекційних зразків;
 місцеві сорти і форми - 986 колекційних зразків;
 дикорослі види - 21 колекційний зразок.

Структура колекцій щодо культур досить різноманітна (табл.1).

1. – Склад колекції генетичних ресурсів рослин Інституту
 овочівництва і баштанництва НААН на 01.11.2011 р., шт.

Культура	Кількість зразків	Селекційні сорти України	Місцеві форми	Дикорослі види
1	2	3	4	5
Томат	1805	419	104	4
Перець солодкий	433	56	69	9
Морква	183	20	52	-
Буряк столовий	88	17	24	-
Баклажан	314	28	51	6
Огірок	267	16	30	2
Салат	198	24	57	-
Редька, редиска	42	16	9	-
Кріп	84	5	72	-
Петрушка	61	4	48	-
Селера, пастернак	25	8	11	-
Капусти різних видів	113	27	31	-
Цибулі різних видів	99	36	30	-
Кабачок, патисон	76	24	19	-
Гарбуз	87	31	31	-
Кавун	147	50	-	-
Диня	111	21	16	-
Перець гіркий	111	10	23	-
Коріандр	41	1	23	-
Малопоширені культури	328	40	203	-
Часник	76	1	75	-
Ріпа, бруква	18	-	18	-
Всього	4731	854	986	21

Колекційні зразки знаходяться у вигляді насінневого і садивного матеріалу для роботи і обміну. На короткострокове збереження матеріал закладають у лабораторії генетичних ресурсів ІОБ НААН, на довгострокове – у сховище НЦГРРУ, де вони зберігаються у регульованих умовах (знижена температура повітря та відносна вологість його).

У генбанку представлено різні категорії зразків. Переважну частину складають вітчизняні та зарубіжні селекційні сорти, яких у генофонді 2495 (53%) зразків (з них українського походження – 854, або (18%); селекційні та генетичні лінії нараховують 1222 зразки (26%); місцеві форми народної селекції складають 986 – (близько 21%); невеликою кількістю зразків представлено дикорослі види і синтетичні популяції (рис.2).

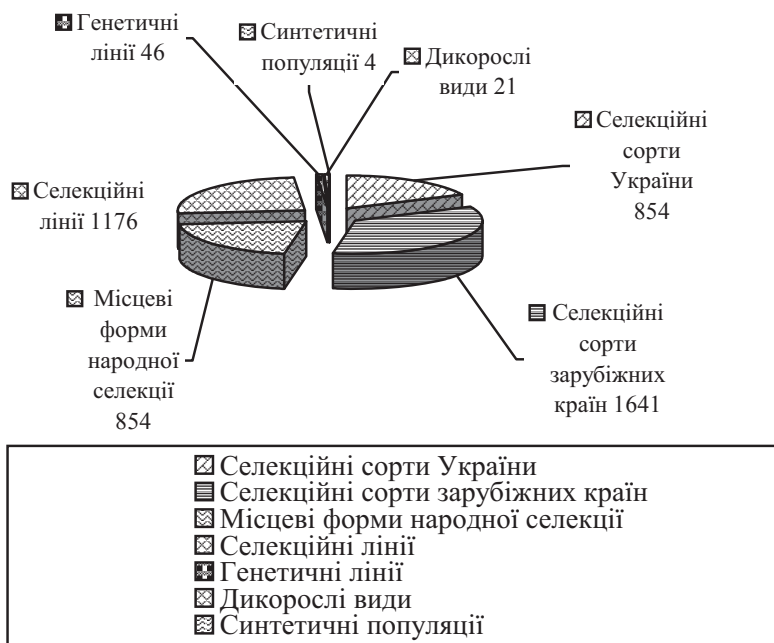


Рис. 2 Склад колекції генофонду овочевих і баштанних культур (вказана загальна кількість категорій зразків на початок 2012 р.

Нині поповнення генетичного банку овочевих і баштанних рослин здійснюється за рахунок обміну зразками генофонду з генбанками інших країн і проведення експедицій по збору генофонду, зокрема місцевого.

Робота з генетичними ресурсами рослин по збагаченню генетичної різноманітності культурних рослин на основі базових, ознакових та основних колекцій генетичного банку рослин України проводиться за напрямом:
 - інтродукція, підтримання та тривале зберігання зразків генофонду овочевих і баштанних культур;

- вивчення зразків генофонду за комплексом господарсько–цінних ознак у різних еколого–географічних умовах з метою виявлення високоадаптивних і стабільних;
- формування базових, ознакових, спеціальних та інших колекцій;
- створення інформаційної системи генетичних ресурсів та баз даних (паспортної, інтродукційної, ознакової) овочевих і баштанних рослин;
- забезпечення селекційних, наукових, освітніх та інших програм вихідним матеріалом та інформацією про генофонд.

Генетичну різноманітність овочевих і баштанних культур, зосереджену в колекціях, можна умовно розділити на дві групи:

- збалансовані природні популяції, які зберігають первісну структуру завдяки панмиксії (старомісцеві сорти і форми, дикоростучі види);
- нестабільні популяції, що потребують постійної «підтримуючої селекції». Окремі популяції за звичайних умов здаються практично гомогенними, але за незвичайних – відокремлюються мікрогрупи.

Залежно від способу розмноження, розрізняють п'ять груп овочевих рослин: комахозапильники (у генофонді це близько 70% культур), вітрозапильники (~10%), самозапильники (~5%), факультативні самоzapильники (~10%) і такі, що розмножуються вегетативно (близько 5% культур).

Кожний колекційний зразок основних овочевих культур пройшов трирічну комплексну оцінку, за аналізом якої визначено шляхи використання зразків генофонду за категоріями та походженням.

За результатами багаторічної оцінки зразків генофонду овочевих культур для селекції на високу адаптивність, досить велику цінність мають місцеві зразки народної селекції з різних регіонів України.

Перспективним є використання цінних сортів і форм капусти, моркви, буряка, редиски та інших культур з Росії. Перспективними для використання у селекції є також сорти зі Словенії (томат, перець солодкий, капуста цвітна, морква, буряк столовий), Нідерландів (перець, морква, цибуля), Польщі (томат), Болгарії (перець), Угорщини, Австрії (морква), Франції, Італії, Іспанії (цибуля).

Споріднені види слід використовувати для розширення генетичної основи господарсько–цінних ознак сортів і гібридів овочевих культур.

Висновки. За результатами аналізу генофонду овочевих і баштанних рослин, представлено велике генетичне різноманіття, зосереджене у колекціях. Запропоновано шляхи використання колекційних зразків за категоріями та походженням.

Бібліографія.

1. Делянки и схемы посева в селекции, сортоиспытании и первичном семеноводстве овощных культур / Под ред. В.Ю. Гончаренко. - М.: Колос, 1979. – 15 с.
2. Методика опытного дела в овощеводстве и бахчеводстве / Под ред. Белика В.Ф. - М.: Агропромиздат, 1992. – 311 с.
3. Методика полевого опыта в овощеводстве и бахчеводстве. / Под ред. Белика В.Ф., Бондаренко Г.Л. - М.: Агропромиздат, 1979. – 202 с.
4. Широкий унифицированный классификатор СЭВ и Международный классификатор СЭВ. Вида Brassica. - Л.: ВИР, 1988. – 42 с.
5. Методические указания по изучению и поддержанию мировой коллекции овощных паслен. культур (томаты, перцы, баклажаны). - Л.:ВИР, 1977. - 36с.
6. Широкий унифицированный классификатор СЭВ и международный классификатор СЭВ вида *Lycopersicon esculentum* L.” Ленинград, Н-Т-С СЭВ, ВИР ИС и АРР(ПНР),1988. - 33с.
7. Широкий унифицированный классификатор СЭВ и международный классификатор СЭВ вида *Capsicum annuum* L. Ленинград, НТС СЭВ, ВИР ИС и АРР (ПНР), 1986. -34 с.
8. Классификатор рода *Allium* L. - Ленинград, 1977. -24с.
9. Широкий унифицированный классификатор СЭВ и Международный классификатор СЭВ лука репчатого (*Allium sera* L.). - Л.: ВИР, ЧССР: ОЛОМОУЦ, 1980. – 42 с.
10. Методика проведення експертизи сортів на відмінність, однорідність та стабільність (ВОС) / Під ред. Волкодава В.В. К. Мін.Агрополітики України, 2004. - 252с.

О.Н. Шабетя

Генетическое разнообразие генофонда овощных и бахчевых растений.

Резюме. Представлены результаты анализа состава коллекций овощных и бахчевых растений генофонда Украины. Определён состав коллекционных образцов по категориям и по происхождению. Предложены пути целенаправленного пополнения и эффективного использования генофонда.

O. M. Shabetja

Genetic diversity of a gene pool vegetable and melon field plants.

Summary. Assay values of a structure of collections vegetable and water-melon plants of a gene pool of Ukraine are introduced. The structure of collection formation samples by category and by origin is determined. Paths of purposeful refill and a gene pool effective utilization are tendered.