

שם ההצעה: זיהוי מוטציה חדשה בעגבניה המאפשרת חנטה פרתנוקרפית בתנאי חום קיצוניים.

Characterization of a new mutation enabling parthenocarpic fruit set in tomato under extreme heat stress

מוגש לצוות היגוי: מחקרי היתכנות 02-6982 (מחקרי בוחן לבדיקת הטמעה יישומית של ידע שנוצר במחקר תשתיתי)

שמות השותפים למחקר, שטח הפעולה שלהם, וכתובת הדוא"ל של החוקר הראשי:

רבקה ברג- ריכוז המחקר, הכנה וסריקת אוכלוסיות חנטה פרתנוקרפית rivkab@vagri.gov.il, (בתקן), יחיעם זליץ- אנליזה ביואינפורמטית (בתקן), אילן פארן- מיפוי גנטי של מוטנטים (בתקן), שרה שבתאי- ריבוי מוטנטים הפקות ד.נ.א גרעיני (בתקן), ילנה בורובסקי - מיפוי גנטי של מוטנטים (בתקן).

מבוא, תיאור הבעיה, ותאור החומר הגנטי והידע הקיים אותו יש לקדם לקראת יישום: הטמפרטורות הגבוהות בחודשי הסתיו, האביב, ובייחוד בקיץ, פוגעות ביבול ובאיכות הפרי של העגבניה (גנץ וחובריה 2008), והפגיעה יכולה להגיע גם לאובדן מוחלט של יכולת עגבניות הקיץ. בעיה זו החריפה עם ההעברה של גידול הצמחים מהשטח הפתוח לבתי צמיחה, בשל החשש מהינגעות בוירוסים. חשוב לציין שאפילו בזני העגבניות לשטח פתוח המצטיינים ביותר בעמידות לעקת חום היבול נפגע אם ממוצע הטמפרטורה היומית עולה מעל 30°C. הפגיעה בחנטה וביבול בעגבניות נובעת בעיקר כתוצאה מרגישות יתר של תהליך יצירת גרגרי האבקה לטמפרטורות גבוהות (ונמוכות) (לדוגמא, סקירות של: Picken 1984, Sato et al 2006, Pressman et al 2007). הפיתרון האופטימאלי לבעיה זו הוא טיפוח זנים המסוגלים לחנוט פרי איכותי בחום, אם באמצעות מוטציות לפרתנוקרפיה פקולטטיבית ואם באמצעות מוטציות המאפשרות ריבוי רפרודוקטיבי גם בתנאי עקת חום. למרות מאמץ טיפוחי ניכר ההתקדמות בהשבת העמידות לחום אטית ובלתי מספקת. יש לזכור שהסלקציה הטבעית במין התרבות ובמיני הבר הקרובים לא נעשתה בתנאי החום אליהם נחשף הגידול כיום, מה שמתבטא במחסור במקורות גנטיים המצטיינים בכושר חנטה בחום, הן בתוך מאגר הזנים של מין התרבות, והן בין מיני-הבר הקרובים. לעומת זאת אוכלוסיה שהועשרה במוטציות באופן מכוון ע"י טיפול במוטגן, עשויה להכיל מוטנטים חדשים המסוגלים לחנוט בחום גבוה. במרכז וולקני הוכנה (ע"י י. קפולניק + י. הירשנהורן) אוכלוסיית מוטגנאזה כימית, באמצעות טיפול בזרעי הזן לתעשייה M82 במוטגן EMS. כאלף משפחות מתוך אוכלוסיה זו נסרקו להנבה בחום בשדה בשתילת קיץ מאוחרת (אמצע יולי 2009), ואותרו מספר צמחים שחנטו פרתנוקרפית בחום. צמחים אלו הועברו בהמשך לגידול בתנאים מיטבים כדי לקבל מהם זרעים. צאצאים של אותם צמחים נבחנו שוב בשתילת קיץ מאוחרת בשנת 2010, ותורשתיות של יכולת החנטה בתנאי חום מאד קיצוניים אושרה לגבי שני מוטנטים שכוננו, האחד - 2012 והשני - 2055 (ראה נספח, תמונות 1, ו-2). חשוב לציין ששני מוטנטים אלו חנטו פרתנוקרפית גם בתנאי הקור ששררו בחממה בלתי מחוממת במתחם בית דגן שחלונותיה נשארו פתוחים בתקופה שבין סוף דצמבר 2010 ועד מחצית פברואר 2011. בתנאים אלו זן הביקורת לא חנט פירות. עפ"י תורשתיות התכונה, שני המקורות החדשים הללו נשלטים ע"י מוטציות רצסיביות. שילוב יעיל

ומהיר של המוטציות החדשות הללו לתוך קווי ההורים של זני עילית קיימים, מותנה בזיהוי מעקובת ה-DNA שהמוטציה בה אחראית לתכונה. זהו תנאי הכרחי שיאפשר לברור בוודאות את צאצאי ההכלאות המחזירות הדומים ביותר להורה המחזיר (קוי הורים של זני עילית) שמכילים את המוטציה המבוקשת. וזאת מעבר לענין ההגנה על הקניין הרוחני.

כדי לקדם את זיהוי שתי המוטציות הכינונו כבר מספר אוכלוסיות מיפוי:
אוכלוסיה-1: אוכלוסיית F₂ שמוצאה ממכלוא של: ♂ M82 x 2012 ♀ (מתאימה הן למיפוי והן לזיהוי המוטציה, כמו-גם ל"ניקוי" הקו 2012 ממוטציות אחרות לא רלוונטיות).

אוכלוסיה-2: אוכלוסיית F₂ שמוצאה ממכלוא של: ♂ 2012 x Solanum pimpinellifolium ♀ (מתאימה הן למיפוי והן לזיהוי המוטציה).

אוכלוסיה-3: אוכלוסיית F₂ שמוצאה ממכלוא של: ♂ 2055 x S. pimpinellifolium ♀ (מתאימה הן למיפוי והן לזיהוי המוטציה).

אוכלוסיה-4: נמצאת בשלבי הכנה מתקדמים אוכלוסיית F₂ שמוצאה ממכלוא של: ♂ M82 x 2055 ♀ (מתאימה הן למיפוי והן לזיהוי המוטציה, כמו-גם ל"ניקוי" הקו 2055 ממוטציות אחרות לא רלוונטיות).

על פי המופע הפנוטיפי, קרוב לודאי ששני המוטנטים מיצגים מוטציות שהתרחשו בשני גנים שונים, כלומר הם אינם אללים. שני הבדלים בולטים בין שני המוטנטים הם: א) בתנאים מיטביים, המוטנט 2055 חונט פירות נושאי זרעים ביתר קלות מהמוטנט 2012, ב) המוטנט 2012 נושא יותר פירות מאשר 2055 על כל ענף פריחה. כדי לבחון את האלילות של שני המוטנטים יעשו בקרוב הכלאות בין שניהם (♂ 2012 x ♀ 2055). מכיוון ששתי המוטציות רצסיביות, צמחי מכלוא פרתנוקרפיים יתקבלו רק במידה והן אלליות.

לנושא הריבוי של המוטנטים פרתנוקרפיים: שני המוטנטים מיצרים אבקה חיונית בתנאי טמפרטורה מיטביים. אך כאמור, עם זאת, המוטנט 2012 נושא מעט מאד זרעים גם בתנאים אלו, ככל הנראה בגלל התנפחות מוקדמת של השחלה עוד לפני אנטזיס, מה שיוצר מחסום פיזי להפריה. כדי להבטיח את ריבוי המוטנט, אנו מזוהים כעת פרטים הטרוזיגוטיים למוטציה מתוך אוכלוסיית F₂ שמוצאה מההכלאה: ♂ M82 x 2012 ♀, זאת באמצעות הכלאה עם אבקה הומוזיגוטית למוטציה שנאספת מצמחי F₂ פרתנוקרפיים. המשך הריבוי יהיה ע"י הכלאת מבחן בין פרטים הטרוזיגוטיים אלו (ובהמשך בין צאצאיהם הפוריים) לבין אחיהם הפרתנוקרפיים, כך שתמיד 50% מהצאצאים יהיו פרתנוקרפיים, בדומה לריבוי צמחים נושאי גן רצסיבי לעקריות זכרית גרעינית. אוכלוסיית המבחן הזו תשמש גם לאימות הסמן המולקולארי שנפתח לזיהוי מוטציה 2012, כפי שיפורט בפרק תכנית המחקר.

מטרת העל שלנו לזהות ולאיין באופן שלם את שתי המוטציות החדשות 2012 ו-2055 המקנות כושר חנטה בחום ובקור. במסגרת מגבלות הקול הקורא לתוכניות "הטמעה יישומית של ידע שנוצר במחקר תשתיתי" הגדרנו **מטרה מוגבלת יותר, והיא:** זיהוי המוטציה 2012, ותכנון סמן מולקולארי עבורה. השגת מטרה זו היא תנאי הכרחי לישום השימוש במוטנט זה בתוכניות השבחה לחנטה בתנאי חום קיצוניים (ובקור).

הנחות היסוד, מידת החדשנות והתועלת הצפויה מביצוע המחקר: כיום יש מחסור חמור במקורות גנטיים המאפשרים חנטה בתנאי החום הקיצוניים השוררים בעונות הקיץ של השנים האחרונות, ועל-פי מגמת שינויי האקלים, בעיה זו צפויה להחריף. המוטנטים 2012 ו-2055 מציעים מקורות גנטיים חדשים וחשובים שיאפשרו חנטה בטמפרטורות קיצוניות. העובדה שמוצאם באוכלוסיית מוטגנאזה שיוצרה בתוך מין התרבות תאפשר לשלב את

התכונה לזני עילית ביתר מהירות מאשר תכונה מבוקשת המיובאת ממין בר קרוב וללא הסיכון שהגן הרצוי נמצא בתאחיזה הדוקה לתכונות לא רצויות הנמצאות במין הבר הקרוב. ממצאי המחקר, שמכוון לזהות את המוטציה ולתכנן עבורה סמן מולקולארי שיאפשר לעקוב אחריה באמצעות מבחן PCR פשוט, יאפשרו לשלב בקלות את המוטציה החדשה בזני עילית קיימים ובכך להרחיב את היקף הגידול הן מבחינת המיקום, ותנאי הסביבה והן מבחינת משך עונת הגידול. בטווח יותר ארוך, כאשר יחקר מנגנון הפעולה של כל אחד משני הגנים המוטנטיים, הידע הזה ישמש תשתית לזיהוי גנים נוספים המעורבים בחנטה בתנאי טמפרטורה קיצוניים. גנים אולם ניתן יהיה לשלב באופן מושכל בטיפוח זני עגבניה הן לחממה והן לשדה הפתוח, ובהמשך ניתן יהיה ליישם מידע זה גם בטיפוח לחנטה בחום במיני ירקות אחרים.

מידת ההתאמה של המחקר לתחומי העדיפויות של הקול הקורא להצעות בוחן לבדיקת הטמעה יישומית של ידע שנוצר במחקר תשתית: התוכנית עונה ליעד זה היות והיא מכוונת לקדם ידע אודות מוטנטיים המצטיינים בחנטה בחום בעגבניה. ידע, שבלעדיו יהיה בלתי אפשרי לנצל את המוטנטיים הללו למטרות השבחה לחנטה בחום. מוטנטיים אלו זוהו במסגרת מחקר קודם. במסגרתו גם הוכחה תורשתיות המוטציות, והתאמתן לחנטה בטמפרטורות גבוהות באופן קיצוני, כאלו ששררו בקיץ האחרון והובילו להאמרה מסחררת במחירי העגבניות. לאחרונה הראנו ששתי המוטציות מתאימות גם לחנטה בטמפ' נמוכות, מה שיאפשר חסכון בהוצאות חימום בתי צמיחה בחורף. כמו-כן הכינונו כבר את אוכלוסיות המיפוי הנדרשות. מה שחסר עכשיו, ומהווה את הפער אותו מבקש להשלים מחקר זה, הוא פיתוח סמן מולקולארי לגן המוטנטי, כך שניתן יהיה להשתמש במקור החדש הזה ביעילות ובמהירות בתוכניות השבחה להנבה בתנאי טמפרטורה קיצוניים. המחקר ישלים פערי ידע בתחום בעל חשיבות לאומית הדורש שיפור והצלחתו תתרום להעלאת היבול והאיכות, הן לשוק המקומי והן לייצוא.

תמצית תוכנית המחקר כולל שיטות ניסיוניות:

תאור כללי של המערך הניסויי לזיהוי המוטציה, והשיקולים לבחירתו: זיהוי של מוטציה חדשה מבוסס בעיקרון על איתור שינוי ברצף הגנום, שינוי שניתן להוכיח באופן ניסויי כי הוא נמצא בתאחיזה מוחלטת לפנוטיפ המוטנטי. כיום ניתן לרכוש שרות ריצוף של מיליארדי בסיסים של DNA בניסוי בודד המכונה "ריצוף עמוק" (deep sequencing). ומכאן שניתן לרצף את גנום העגבניה (כ- 10^9 בסיסים) בכיסוי של 10-15 פעמים בהרצה אחת (=ניסוי אחד) של ריצוף עמוק באמצעות טכנולוגיית SOLID (מידע מד"ר מיכל בורנשטיין המרכז טכנולוגיות גנומיות באוניברסיטה העברית). טכנולוגיה זו, בצרוף ההתקדמות שחלה לאחרונה בקביעת רצף גנום העגבניה (Tomato Genome Data, version SL2.31, <http://solgenomics.net>), ובשילוב הכח הניתוחי של כלים ביואינפורמטיים מתקדמים, מאפשרים להתקדם במיפוי זיהוי של מוטציות חדשות בצורה מהירה לאין שיעור בהשוואה לשיטות ה"ותיקות" יותר (Zhao & Grant 2011). ואנו מציעים להעזר בטכנולוגיה זו למיפוי המוטציה 2012 לפרתנוקרפיה. בתכנון המחקר יש להתחשב בעובדה שמוצא שני המוטנטיים במוטגנאזה כימית שהופעלה על זרעים. ולכן סביר ביותר שכל אחד מהקווים המוטנטיים נושא מספר מוטציות, ושהן שונות בשני המוטנטיים, ורק אחת מהן, שגם היא קרוב לודאי שונה בשני המקורות, אחראית לפנוטיפ הפרתנוקרפי. משמעות הדבר, שלא ניתן בניסויי ריצוף עמוק להשוות את כל אחד מהמוטנטיים לקו המוצא המשותף M82, (מה שהיה מאפשר להזיל את עלויות המחקר), אלא חייבים להשוות את רצף ה-DNA של תערובת פרטים פרתנוקרפיים לזה של תערובת פרטים לא פרתנוקרפיים שמקורם באותה אוכלוסיית מיפוי. רק השוואה כזאת תוכל להצביע על מספר מוטציות כמועמדות האחראיות לפנוטיפ הפרתנוקרפי לגבי כל אחד מהמוטנטיים. המיגבלה העיקרית בהתקדמות המהירה לקראת מטרה זו

היא כספית, ומוכתבת עפ"י המחיר של כל ניסוי ריצוף + האנליזה הביואינפורמטית. על-כן, באופן מעשי, אנו מציעים לבצע רק שני ניסויי ריצוף עמוק באמצעות טכנולוגיית SOLID, שיניבו כיסוי של 10-15 פעמים של הגנום לכל אחת משתי אוכלוסיות ה-DNA שיתוארו בהמשך (בעלות כוללת של כ-70,000 ש"ח). ברור שככל שמספר הריצופים החוזרים של שתי אוכלוסיות ה-DNA יהיה גבוה יותר, כן יעלה הסיכוי לזהות באופן אמין שינוי ברצף המיזג את המוטציה. ויתכן ונאלץ לבצע ניסוי ריצוף נוסף על מנת לקבל תוצאות אינפורמטיביות.

במטרה ליעל ולזרז את זיהוי המוטציה, במקביל, נשתמש באוכלוסית המיפוי מס' 2 שתוארה למעלה: (*S. pimpinellifolium* ♂ x ♀ 2012), כדי למפות "באופן גס" את המוטציה לאזור מוגדר, ע"ג כרומוזום מוגדר (בטווח של עד כ-10cM). מצרוף הממצאים משתי האנליזות השונות, נוכל לזהות מי מכל המוטציות שיעלו בריצוף העמוק ממוקמת באותו אזור כרומוזומאלי אליו יופה המוטנט הפרתנוקרפי. כלומר נזהה את המוטציה האחראית לפנוטיפ הפרתנוקרפי. (ראה תרשים הזרימה המצורף, המתאר את מהלך המחקר).

השלב הראשון של המחקר מיועד לאתר שינויים ברצף הגנום של הצמחים הפרתנוקרפיים שאחד מהם הוא האחראי לפנוטיפ הפרתנוקרפי. **לשם כך, בשלב א) יערך "ריצוף עמוק" (deep sequencing) של אוכלוסיה מתפצלת**

למוטציה 2012: נקבע את רצף הגנום בשני מאגרי DNA גרעיני שנכין מפרטים מאוכלוסיות המיפוי מס' 1 המתוארת למעלה. מאגר אחד יורכב מ-DNA גרעיני שיופק מפרטים פרטנוקרפיים, והשני מצמחים שאינם פרטנוקרפים שמקורם מאותה אוכלוסיה מתפצלת. כדי לזהות באופן ודאי את הצמחים המוטנטים (שאמורים להיות הומוזיגוטיים לגן המוטנטי), האוכלוסיה המתפצלת תגודל בקיץ והתפתחות פרי פרטנוקרפי תראה בבירור בפירות הצעירים כבר כעבור ימים ספורים מיום פתיחת הפרח (ראה תמונה 3). כל מאגר יוכן מעירבוב כמויות שוות של DNA גרעיני שיופק מ-20 צמחים שונים מכל אחד משני הפנוטיפים. ההקפדה על הפקת דנא גרעיני (שיוכן עפ"י

my.jgi.doe.gov/.../DNA_Isolation_of_Nuclear_DNA_of_Arabidopsis_lyrata.pdf), תפחית את זבזבו המשאבים על קביעת רצפי DNA אורגאנליים (מהפלסטידה והמיטוכונדריה) שאינם רלוונטים למוטציות 2012 ו-2055. זאת מכיון שעל פי התורשתיות שלהם נשלטים שניהם על-ידי מוטציות רצסיביות בגנים גרעיניים. את ה-DNA נשלח לריצוף למקור חוץ שנותן שירות כזה. קרוב לודאי שנשתמש בשירות שניתן לרכוש מ-University of Iowa Genome Sequencing Service. מעבר לאינפורמציה הבסיסית שנקבל מנותן השירות, נעזר בשירות ביואינפורמטי הניתן במכון וויצמן, לביצוע אנליזה מפורטת יותר של הרצפים שיתקבלו כדי לזהות שינויים ברצף באוכלוסיה הפרתנוקרפית לעומת הלא-פרתנוקרפית. כמוסבר למעלה, סביר שניסוי הריצוף יצביע על מספר שינויים ברצף, פרט למוטציה 2012 לפרתנוקרפיה. מכיון שגנום העגבניה כבר רוצף כמעט במלואו, נוכל למקם כל אחד משינוי הרצף שיאפיינו את האוכלוסיה הפרתנוקרפית אל מיקום מוגדר על-גבי אחד מ-12 הכרומוזומים של העגבניה.

בשלב ב) יבוצע "מיפוי גס" של התכונה לפרתנוקרפיה 2012 שימקם אותה לאזור מוגדר בתוך כרומוזום מוגדר. למטרה זו הוכנה אוכלוסיית המיפוי מספר 2 שתוארה למעלה. לאחרונה, אופיינו 60 סמני DNA הממופים ומפוזרים (במרווח ממוצע של 20cM) על פני גנום העגבניה ומבדילים בין מין התרבות לבין מין הבר הקרוב *S. pimpinellifolium* (מידע שלא פורסם, מד"ר יובל אשד, מכון וויצמן). אנו נחפש תאחיזה בין התכונה לפרתנוקרפיה לבין סמנים אלו באוכלוסית המיפוי המתפצלת מס' 2 שתוארה למעלה, בדומה לגישה בה נקטנו בעבר למיפוי מוטציות אחרות (Michelmore et al 1991). בשלב הראשון, נזהה את הכרומוזום עליו מצויה המוטציה לפרתנוקרפיה. לשם כך, תוך שימוש בשני סמנים לכל כרומוזום, נערוך אנליזות PCR ל-10 צמחים פרטנוקרפיים ול-10 צמחים לא פרטנוקרפיים מתוך האוכלוסיה. בשלב הבא, תוך שימוש בזוגות פריימרים שנותנים כיסוי יותר

מפורט של אזורים שונים באותו הכרומוזום שיזוהה כזה שעליו ממוקמת המוטציה, נערוך אנליזות PCR ל- 20 צמחים פרתנוקרפיים ול- 20 צמחים לא פרתנוקרפיים באוכלוסיה מס' 2. אנליזה זו תצביע על אזור יותר מצומצם, בתוך הכרומוזום (בטווח של עד כ- 10 cM), בתוכו ממוקמת המוטציה. גם פה, כדי להבטיח זיהוי נכון של הצמחים ההומוזיגוטים למוטציה מהם יופק DNA, אוכלוסיית המיפוי תגודל בקיץ המאוחר ותיבחן לכושר החנטה בתנאי חום קיצוניים. **בשלב השלישי (ג)**, נצרף את המידע שיתקבל משני המיפויים, ונזהה איזו מכל המוטציות שיזוהו בריצוף העמוק, ממוקמת באזור הכרומוזומאלי אליו תמופה התכונה לפרתנוקרפיה באוכלוסיה מס' 2 (ראה תרשים הזרימה), ועל כן היא המוטציה האחראית לפנוטיפ הפרתנוקרפי. על סמך השינוי ברצף נתכנן זוג פריימרים שיבדיל בין הגן המוטנטי לרצף המקביל (הנורמאלי, WT) שאינו מקדד לפרתנוקרפיה. את אמינות הפריימרים נבחן על אוכלוסיית מבחן שמתפצלת לתכונה ביחס של 1:1 (הכנת אוכלוסיית המבחן תוארה למעלה, גם כאמצעי לריבוי המוטנט).

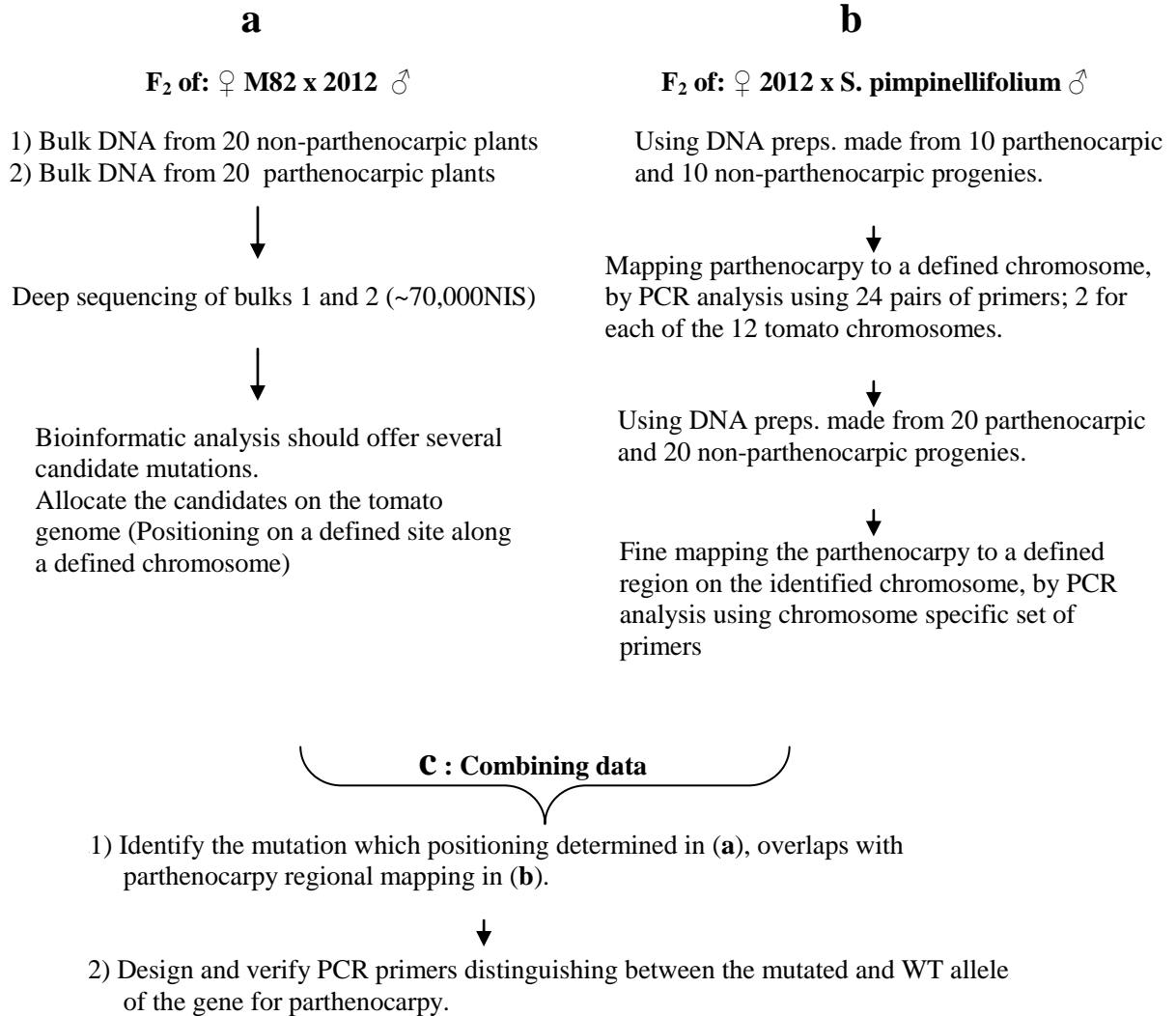
אין לתכנית מקור מימון נוסף. החלק הקודם של המחקר נעשה בעזרה צנועה, אך הכרחית, של מנהל המכון למדעי הצמח, ובהשקעת מימון + עבודה של החוקרים המגישים עצמם. תוכנית דומה הוגשה במסגרת הקול קורא לתכנית לשנת 2012 (צוות היגוי לגידולים וזנים חדשים בעלי יתרון שיווקי 02-4482). כפי שציינו במכתב מלווה לתכנית שהוגשה ל-2012, במידה ונצליח לקבל מימון לתכנית הנוכחית המוגשת למימון לשנת 2011, נוכל להתחיל את ניסויי הריצוף העמוק בהקדם, ועל סמך ממצאי הניסוי הראשון נראה אם יש צורך בניסוי נוסף, על מנת לאתר מוטציות מועמדות מבטיחות. ככל שנצליח להתקדם יותר בתכנית הנוכחית, יהיה קל יותר לכלול בתכנית המלאה שתוגש בשנת 2012 (במידה ותאושר להגשה מלאה) גם את אנליזת המוטנט 2055, שלא נכלל בתוכנית במתכונת שהוגשה, רק בגלל מגבלות התקציב שניתן לבקש ולצפות לקבל.

רשימת ספרות

- גנץ ש. וחובריה (2008) מבחן זני עגבניות מאכל לחנטה בחום. קיץ 2007 מו"פ דרום. שדה וירק 8:48
- Michelmore RW, Paran I, Kesseli RV (1991) Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. Proc Natl Acad Sci USA. 88: 9828-9832
- Picken AJF (1984) A review of pollination and fruit set in tomato (*L. esculentum* Mill.) J Hort Sci 59: 1-13
- Pressman E, Shaked R, Firon N (2007) Tomato response to heat stress: focus on pollen grains. Plant Stress 1: 216-227.
- Sato S, Kamiyama M, Iiwata T, Makita N, Furukawa H, Ikeda H (2006) Moderate increase of mean daily temperature adversely affects fruit set of *Lycopersicon esculentum* by disrupting specific physiological processes in male reproductive development. Annals Botany 97: 731–738.
- Zhao J, Grant SF (2011) Advances in whole genome sequencing technology. Curr Pharm Biotechnol. 12(2):293-305.

Flowchart delineating the steps (a-c) towards identification of the 2012 mutation for parthenocarpy

Mapping populations to be used:



נספח: המוטנטים 2012 ו-2055 חונטים פרתנוקרפית בתנאי חום שמונעים לחלוטין הנבה של פרי מסחרי בזן הביקורת M82. כל התמונות המוצגות בנספח הן של פירות שחנטו על גבי צמחים שנשתלו ב-9 ביולי 2010 בבית רשת, בבית דגן.

תמונה 1: המוטנט 2012 חונט פירות פרתנוקרפיים בתנאי חום קיצוניים. מוצגים פירות שחנטו על צמח פרתנוקרפי מתוך אוכלוסית F₂ מתפצלת שמוצאה מהמכלוא: ♂ M82 x ♀ 2012, וכן על צמח מהזן M82.

M82



2012

בלוחות השמאליים מוצגים פירות שנאספו כולם מצמח אחד מכל אחד מהקווים. בלוחות הימניים מוצגים פירות חתוכים (מבין אלו שמוצגים בלוחות השמאליים). הפירות שהתפתחו על 2012 חסרי זרעים אך הם גדולים ומלאים, בעוד פירות M82 חסרי הזרעים, קטנים, מעוותים וחלולים.



תמונה 2: חנטה של פירות פרתנוקרפיים גדולים ומלאים במוטנט 2055. הפירות המוצגים נאספו מצמח של הכלאה עצמית של הצמח 2055, שגודל ביחד עם הצמחים שפירותיהם מוצגים בתמונה 1.



תמונה 3: בגידול בתנאי חום קיצוניים, במוטנט 2012 השחלה מתנפחת וחונטת פרי, אך לא בקו המוצא. בלוח השמאלי, פרח נבול מהזן M82, בלוח הימני, פרחים של המוטנט 2012 שחנטו פרי פרתנוקרפי, ומאופיינים בדחית הנבילה של עלי הכותרת.