

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ СОРТОВ И ЛИНИЙ ГОЛОЗЕРНОГО ОВСА СЕЛЕКЦИИ ФИЦ «НЕМЧИНОВКА»

А.Д. КАБАШОВ¹, А.В. ЛЮБИМОВА², Н.М. ВЛАСЕНКО¹, А.С. КОЛУПАЕВА¹

¹ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Немчиновка»;

²Федеральный исследовательский центр «Тюменский научный центр
Сибирского отделения РАН»)

Для оценки контроля постоянства биотипного состава сортов голозерного овса при возделывании все шире в первичном семеноводстве применяется высокоэффективный метод электрофореза запасных белков семян – проламинов. Цель исследований – паспортизация сортообразцов голозерного овса селекции ФИЦ «Немчиновка» и анализ их генетического разнообразия с использованием аллелей авенин-кодирующих локусов. В работе были использованы химико-технологический, расчетно-конструктивный и статистический методы исследований. Использовался метод электрофореза запасных спирторастворимых белков овса – авенинов. Электрофорез проводили в вертикальных пластинах 13,2%-ного полиакриламидного геля при постоянном напряжении 500 V с использованием электрофоретических камер VE-20 (Helicon, Россия). В результате исследований установлено, что все проанализированные образцы являются гетерогенными по компонентному составу авенина, с количеством биотипов от 2 до 14 шт. Частота встречаемости биотипов в образцах варьирует от 1,0 до 97,0%. Обнаружены блоки компонентов авенина, отсутствующие в каталоге генетической номенклатуры: по локусу Avn A – 4 блока; Avn B – 2 блока; Avn C – 1 блок. Определен их вероятный компонентный состав. Установлено высокое значение среднего генного разнообразия по всем трем локусам. Это свидетельствует об эффективном использовании в селекционном процессе генетически разнообразного исходного материала.

Ключевые слова: первичное семеноводство, электрофорез, биотипный состав сорта, голозерный овес.

Введение

Овес – ценная зерновая культура многостороннего использования. Российская Федерация занимает лидирующее положение в мире по площадям посева овса и сбору его зерна. В Государственный реестр селекционных достижений в 2022 г. было внесено 152 сорта овса, среди которых 17 – голозерные. Доля сортов, созданных отечественными селекционерами, составляет 87,5% [3, 4, 11–13].

В последнее десятилетие интерес к голозерному овсу является повышенным. Его зерно отличается высоким качеством: повышенным по сравнению с пленчатым овсом содержанием белка, сбалансированного по аминокислотному составу, жира и крахмала. Голозерный овес обуславливает сокращение затрат на переработку при использовании в пищевой промышленности. Ценным признаком голозерного овса является устойчивость к осыпанию.

Широкому распространению голозерного овса препятствуют присущие ему недостатки: более низкая в сравнении с пленчатым овсом урожайность, убранный зерно содержит заметную долю невышелушенных зерен. Зерно голозерного овса является неоднородным по крупности, мельче, чем у пленчатого овса. Незакрытое

цветковыми чешуями зерно голозерного овса сильнее повреждается болезнями и вредителями.

Селекционная работа с голозерным овсом в ФИЦ «Немчиновка» началась в 2004 г., к 2023 г. создано и допущено к возделыванию 3 сорта: Немчиновский 61, Азиль и Грива. Все сорта выведены в соавторстве с селекционерами других научных учреждений.

Для более глубокого изучения селекционного материала по голозерному овсу лаборатория селекции овса ФИЦ «Немчиновка» сотрудничает со специалистами ряда научных учреждений, в том числе с учеными лаборатории геномных исследований в растениеводстве НИИСХ Северного Зауралья – филиал ТюмНЦ СО РАН, – которой были переданы 14 сортообразцов голозерного овса для изучения компонентного состава проламинов методом электрофореза.

Проламины – это группа запасных спирторастворимых белков. Благодаря высокому уровню полиморфизма и сортоспецифичности эти белки успешно используются для паспортизации сортов, линий и генотипов зерновых культур. Данные о разнообразии аллелей проламин-кодирующих локусов применяются для расчета внутривидового генетического разнообразия в популяциях сортов, позволяют оценивать эффективность селекционного процесса и контролировать постоянство биотипного состава сортов при возделывании [6, 8, 9]. Проламины овса называются авенинами. Синтез авенинов контролируется тремя независимыми кластерами генов, называемыми как локусы *Avn A*, *Avn B*, *Avn C* и расположенными на гомеологичных хромосомах 1D, 3D и 7A [7, 10].

Цель исследований: паспортизация сортообразцов голозерного овса селекции ФИЦ «Немчиновка» и анализ их генетического разнообразия с использованием аллелей авенин-кодирующих локусов.

Материал и методы исследований

Материалом для исследований послужили 14 сортов и селекционных линий голозерного овса, полученных в ФИЦ «Немчиновка» (табл. 1). Для одномерного электрофореза методом случайной выборки отбирали по 100 зерен каждого сортообразца из питомника конкурсного сортоиспытания [5].

Анализ проводили в вертикальных пластинах 13,2%-ного полиакриламидного геля при постоянном напряжении 500 V с использованием электрофоретических камер VE-20 (Helicon, Россия). В качестве стандарта использовали смесь муки сортов Вятский голозерный и Тюменский голозерный в соотношении 2:1, суммарная формула получаемого спектра – *Avn 2.4, 7.1, 3*.

Аллельные варианты блоков компонентов, контролируемых авенин-кодирующими локусами, определяли в соответствии с каталогом, разработанным В.А. Портянко [7], с дополнениями [5]. В случае, если блок отсутствовал в каталоге, его обозначали пометкой «new».

Генное разнообразие по каждому локусу (H) определяли по формуле:

$$H = \frac{n}{n-1} \times \left(1 - \sum_{i=1}^k p_i^2 \right) \quad (1)$$

где p_i – популяционная частота i -го аллеля; k – количество аллелей локуса; n – объем выборки [10].

Среднее генное разнообразие (\bar{H}) рассчитывали путем усреднения количества аллелей на локус по всем локусам.

Показатели структуры популяции – внутривидовое разнообразие (μ) и долю редких морф (h) – рассчитывали по формулам:

$$\mu = (\sqrt{p_1} + \sqrt{p_2} + \sqrt{p_3} + \dots + \sqrt{p_m})^2 \quad (2)$$

$$h = 1 - \frac{\mu}{m} \quad (3)$$

где p_1, p_2, \dots, p_m – частоты аллелей в долях от единицы; m – число вариаций признака, выделенных в выборке [1].

Расчеты производили с использованием компьютерных программ Arlequin Ver 3.5.2.2 (Copyright 2015 L. Excoffier. CPMG, University of Berne) и MS Excel.

Кластеризацию осуществляли методом одиночной связи (Single Linkage), в качестве меры сходства использовали Евклидовы расстояния. Построение дендрограммы производили в программе STATISTICA (StatSoft, Inc. (2014). STATISTICA (data analysis software system), version 12).

Результаты и их обсуждение

В результате проведенных исследований установлено, что все проанализированные образцы – гетерогенные по компонентному составу авенина, с количеством биотипов от 2 до 14 шт. Частота встречаемости биотипов в образцах варьирует от 1,0 до 97,0%. Общее представление об их количестве и о частоте встречаемости основных биотипов следует из данных таблицы 1.

Таблица 1

Число биотипов в 14 сортообразцах овса селекции ФИЦ «Немчиновка»

Сорт, линия	Количество биотипов, шт.	Формулы авенина основных биотипов и их частота встречаемости, %
Немчиновский 61	5	10.1.3 (58), 10.new1.3 (22), 10.1.2 (14)
Азиль	2	2.1.7 (55), 2.1.3 (45)
2h2348	10	10.1.3 (42), 10.1.2 (24), 2.6.5 (12), 2.1.3 (7)
16h2476	10	new2.new2.3 (56), new2.6.3 (30)
54h2476	6	11.6.7 (91)
2h2532	4	new 3.7.1 (97)
52h2467	3	2.7.1 (47), 2.4.1 (28)
50h2613	6	2. new1.new1 (93)
70h2613	3	2.1.7 (92)
55h2618	6	2.4.5 (70), 2.7.3 (14)
66h2618	4	2.1.3 (94)
4h2708	5	10.1.2 (71), 10.1.1 (25)
16h2771	5	11.1.2 (92), 10.1.3 (5)
15h2657	5	new3.4.2 (94)

Наименьшее количество биотипов имеет сорт Азиль – 2, а наибольшее, по 10, – линии 2h2348 и 16h2476. Всего в результате анализа компонентного состава авенинов выявлено 74 биотипа. При этом у части проанализированных образцов обнаружены биотипы с идентичным компонентным составом проламинов (табл. 2).

Всего выделено 14 типов электрофоретических спектров проламина, встречающихся сразу у нескольких образцов. Частота встречаемости биотипов с такими спектрами в разных образцах варьирует от 97 до 1%. Самым широко представленным в выборке является спектр с формулой *Avn 2.1.3* – он обнаружен у 2 сортов и 7 селекционных линий. На втором месте – спектр с формулой авенина *Avn 10.1.2* (1 сорт и 4 линии).

Необходимо отметить, что совпадение электрофоретических спектров проламинов не свидетельствует о полной идентичности генотипов. В настоящее время известно о 25 генах, контролирующих синтез авенинов [10], в то время как общее количество генов гексаплоидного овса превышает 80000. Совпадение спектров, по мнению А.Ю. Новосельской-Драгович, может свидетельствовать о близком родстве образцов [2].

Таблица 2

Биотипы с идентичными электрофоретическими спектрами авенина

№ п/п	Формула авенина	Образцы с идентичными спектрами авенина
1	10.1.3	Немчиновский 61 (1 биотип), 2h2348 (1 биотип), 16h2771 (2 биотип)
2	10.1.2	Немчиновский 61 (3 биотип), 2h2348 (2 биотип), 50h2613 (5 биотип), 55h2618 (6 биотип), 4h2708 (1 биотип)
3	2.1.3	Немчиновский 61 (4 биотип), Азиль (1 биотип), 2h2348 (4 биотип), 16h2476 (5 биотип), 54h2476 (5 биотип), 70h2613 (2 биотип), 55h2618 (4 биотип), 66h2618 (1 биотип), 4h2708 (5 биотип)
4	2.4.1	Немчиновский 61 (5 биотип), 54h2476 (3 биотип), 52h2467 (2 биотип), 66h2618 (4 биотип)
5	2.1.7	Азиль (2 биотип), 50h2613 (4 биотип), 4h2708 (4 биотип), 15h2657 (3 биотип)
6	2.6.5	2h2348 (3 биотип), 50h2613 (6 биотип)
7	4.1.2	2h2348 (6 биотип), 55h2618 (3 биотип)
8	2.7.3	2h2348 (9 биотип), 54h2476 (2 биотип), 55h2618 (2 биотип)
9	2.new1.new1	2h2348 (10 биотип), 2h2532 (4 биотип), 50h2613 (1 биотип)
10	new2.new2.3	16h2476 (1 биотип), 15h2657 (2 биотип)
11	new3.7.1	2h2532 (1 биотип), 52h2467 (3 биотип)
12	2.7.1	52h2467 (1 биотип), 50h2613 (2 биотип)
13	10.1.1	4h2708 (2 биотип), 15h2657 (5 биотип)
14	new3.4.2	4h2708 (3 биотип), 16h2771 (4 биотип), 15h2657 (1 биотип)

В научной литературе широко представлены данные о возможности использования проламин-кодирующих локусов для подтверждения родства и оценки генетической близости сортов зерновых культур, а также типирования гетерозигот [5, 9]. Проламины наследуются сцепленно (блоками) и имеют кододоминантный тип наследования. Частота рекомбинаций внутри таких блоков крайне низка, поэтому их приравнивают к отдельным менделирующим единицам. При проведении скрещиваний блоки компонентов передаются без изменений от родительских сортов к гибридному потомству и из поколения в поколение [6, 9].

По нашему мнению, совпадение спектров авенина у сортов и линий селекции ФИЦ «Немчиновка» обусловлено общностью происхождения. У 13 из них начальные скрещивания проводили с участием образцов коллекции ВИР: Putnam 61 (США), Sërbo (Швеция), WZ-437 (Голландия), K-442/1 (индивидуальный отбор из Panter, Голландия). Скрещивание сортов Putnam 61 и Sërbo в 1969 г. привело к появлению гибридной комбинации h178, ставшей родоначальной для всех сортов немчиновской селекции. В последующие годы в скрещивания включали более новые образцы: Astor (Голландия), Komes (Польша), Condor (США), Endspurt (ФРГ), Ac Lotta (Канада), Ceal (США), CJ 8251 (США), Phreia, Pennline 2005 (США), Черкасский 1 (СССР), Козырь, Рысак, Улов, Геркулес, Горизонт, ALF (Германия), Bullion, Soroca, Вятский, Крестьянский местный и др. Лишь одна селекционная линия – 2h2532 – по родословной выпадает из этой схемы, будучи полученной с участием сортообразцов Fraser (Канада), Ponta (Швеция), Erich (Германия) ALF (Германия), Ac Batton (Канада). Ее основной биотип имеет формулу *Avn new 3.7.1* (97%) и, кроме этой линии, присутствует только в спектре авенина образца 52h2467 с частотой 1%.

Для сортообразцов с наибольшей степенью родства в данной выборке были произведены попарные сравнения формул авенина их биотипов. В результате выявлено 4 пары образцов, характеризующихся наибольшим совпадением по компонентному составу авенина: сорт Немчиновский – 61 линия 2h2348; сорт Немчиновский – 61 линия 4h2708; сорт Азиль – линия 66h2618; линия 2h2348; линия 4h2708. При этом учитывались как общее количество совпадающих спектров, так и их частота встречаемости в образце.

У сорта Немчиновский 61 и линии 2h2348 выявлено 3 совпадающих типа спектра: *Avn 10.1.3*; *10.1.2*; *2.1.3* (табл. 3, 4). При этом биотипы с формулой *Avn 10.1.3* у обоих образцов из этой пары преобладают по частоте встречаемости, а с формулой *Avn 10.1.2* – находятся на втором и третьем местах по распространенности в популяции линии 2h2348 и сорта Немчиновский 61 соответственно.

Сорт овса Немчиновский 61 выведен с участием сортов Putnam 61, Sërbo, WZ-437, K-442/1, Astor, Крестьянский местный, а у линии 2h2348 вместо сорта Astor присутствует сорт Komes.

На электрофореграммах сорта Немчиновский 61 и линии 4h2708 выявлены идентичные типы спектра с формулой *Avn 10.1.2*, а также минорные биотипы с формулой *Avn 2.1.3* (частота встречаемости – 5 и 1% соответственно) (табл. 4, 5).

В родословной обоих образцов присутствуют сорта Putnam 61, Sërbo, WZ-437 и K-442/1. В последующих скрещиваниях у сорта Немчиновский 61 использовали сорта Astor и Крестьянский местный, а у линии 4h2708 – сорта Komes и Вятский.

У сорта голозерного овса Азиль и селекционной линии 66h2618 с высокой частотой встречаются биотипы с типом спектра *Avn 2.1.3* (табл. 6).

У сорта Азиль частота встречаемости биотипа с формулой авенина *Avn 2.1.3* составляет 45%, а у линии 66h2618 – 94%.

**Формулы авенина сорта Немчиновский 61 и линии 2h2348
и частота встречаемости биотипов**

Сорт Немчиновский 61		Линия 2h2348	
формула авенина, <i>Avn</i>	частота встречаемости, %	формула авенина, <i>Avn</i>	частота встречаемости, %
10.1.3	58	10.1.3	42
10.new1.3	22	10.1.2	24
10.1.2	14	2.6.5	12
2.1.3	5	2.1.3	7
2.4.1	1	2.4.7	6
		4.1.2	3
		new1.1.3	2
		10.7.1	1
		2.7.3	1
		2.new1.new1	1

Таблица 4

**Частота встречаемости идентичных типов спектра авенина
у сортов Немчиновский 61, Азиль и линий 2h2348, 4h2708 и 66h2618, %**

Сорт, линия \ Формула <i>Avn</i>	10.1.3	10.1.2	2.1.3
Немчиновский 61	58	14	5
Линия 2h2348	42	24	7
Линия 4h2708	–	71	1
Азиль	–	–	45
Линия 66h2618	–	–	94

На ранних этапах скрещиваний в создании обоих образцов использовали сорта Putnam 61, Sërbo, WZ-437 и К-442/1. На последующих этапах у сорта Азиль вовлекли в скрещивания сорта Черкасский 1, Endspurt и Крестьянский местный, а у линии 66h2618 – образцы CJ-8251, Phreia, Pennline 2005.

На электрофореграммах линий 2h2348 и 4h2708 с высокой частотой встречается тип спектра *Avn 10.1.2*, а также выявлены минорные биотипы с формулой авенина *Avn 2.1.3* (табл. 3). Обе линии в родословной имеют общих родителей: Putnam 61, Sërbo, WZ-437, К-442/1, Komes. Лишь на завершающей стадии у линии 2h2348 использовали в скрещивании сорт Крестьянский местный, а у линии 4h2708 – сорт Вятский.

**Формулы авенина сорта Немчиновский 61 и линии 4h2708
и частота встречаемости биотипов**

Сорт Немчиновский 61		Линия 4h2708	
формула авенина, <i>Avl</i>	частота встречаемости, %	формула авенина, <i>Avl</i>	частота встречаемости, %
10.1.3	58	10.1.2	71
10.new1.3	22	10.1.1	25
10.1.2	14	new3.4.2	1
2.1.3	5	2.1.7	1
2.4.1	1	2.1.3	1

Таблица 6

**Формулы авенина у сорта Азиль и линии 66h2618
и частота встречаемости биотипов**

Сорт Азиль		Линия 66h2618	
формула авенина, <i>Avl</i>	частота встречаемости, %	формула авенина, <i>Avl</i>	частота встречаемости, %
2.1.7	55	2.1.3	94
2.1.3	45	4.1.1	3
		2.1.1	1
		2.4.1	3

Совпадение компонентного состава проламинов у образцов может свидетельствовать об идентичном наборе их базисных генов, совпадающих у всех популяций и особей вида. При этом для проламин-кодирующих локусов показана зависимость их аллельного состава от факторов естественного и искусственного отбора [4, 7, 10]. В этом случае аллели авенин-кодирующих локусов могут выступать в качестве маркеров каких-либо хозяйственно значимых признаков или даже ценных генотипов.

Таким образом, имея ряд идентичных генов, исследованные образцы могут отличаться по другим, в том числе морфологическим и хозяйственным признакам, что представляет интерес для селекции: как, например, у сорта Немчиновский 61 метелка крупная и рыхлая, а у линии 2h2348 метелка значительно мельче и компактная.

Помимо генетической близости, причиной появления групп образцов с идентичными спектрами может быть биологическое или простое механическое засорение. Для исключения влияния механической примеси на результаты исследований была построена дендрограмма, показывающая генетическую близость только между основными биотипами (с частотой встречаемости более 6%) проанализированных сортов и линий. Все описанные пары сортов и линий находятся на дендрограмме в составе одной из подгрупп первого кластера (выделены красным прямоугольником на рисунке 1).

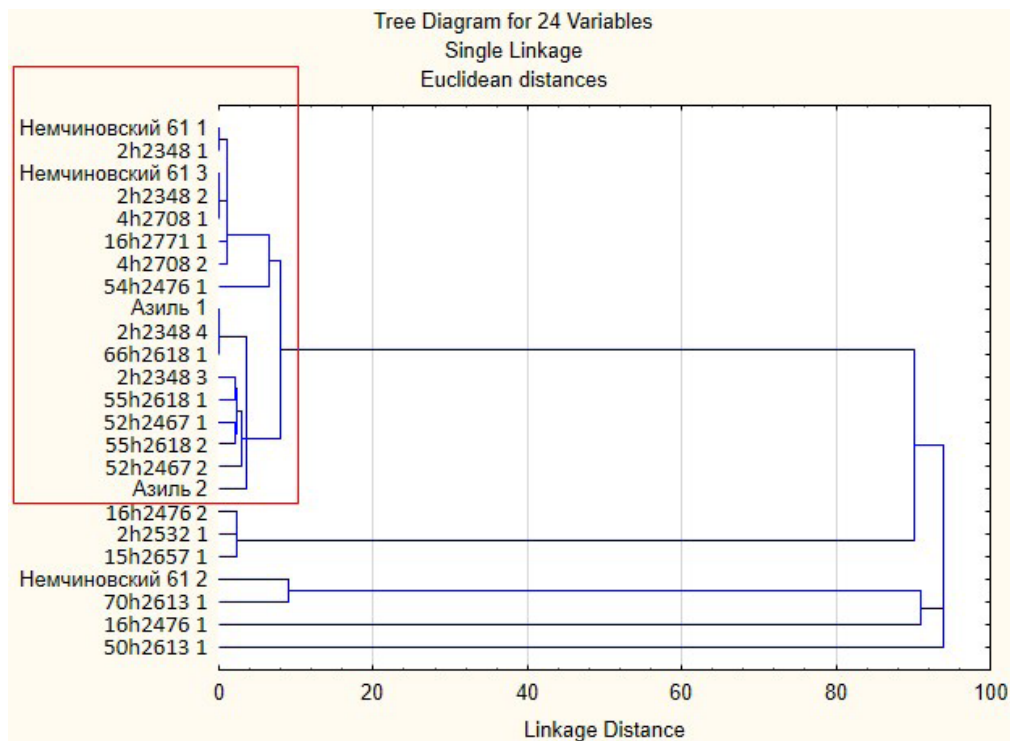


Рис. 1. Кластеризация основных биотипов сортообразцов голозерного овса немчиновской селекции по аллельному составу авенин-кодирующих локусов

Согласно результатам кластеризации генетические дистанции между описанными сортообразцами не превышают 10 ед., а в ряде случаев равны нулю. Это свидетельствует о генетической близости данных образцов, связанной, вероятнее всего, с их общим происхождением.

Введение в скрещивания одних и тех же генотипов может негативно сказаться на внутривидовом генетическом разнообразии популяции сортов определенного селекционного центра. Генетическая эрозия приводит к снижению устойчивости популяции, в том числе к заболеваниям и природно-климатическим факторам. Для расчета генетического разнообразия популяции голозерных образцов овса немчиновской селекции была оценена частота встречаемости аллелей АКЛ в основных биотипах (табл. 7). Установлено, что по локусу *Avn A* максимальную частоту встречаемости имеет аллель *A2* (45,8%), аллель *A10* встречается в 29,2% случаев.

Следует отметить, что аллель *A2* имеет значительное распространение среди сортов овса отечественной и зарубежной селекции, а аллель *A10* является достаточно редким. Его высокая встречаемость в селекционном материале ФИЦ «Немчиновка» может свидетельствовать о сцеплении аллеля *A10* с хозяйственно-ценными и адаптивно значимыми для немчиновского центра признаками.

По локусу *Avn B* наибольшую частоту встречаемости имеет аллель *B1*–45,8%. Аллели *B6*, *Bnew1*, *B7* и *B4* имеют частоту встречаемости 12,5%. По локусу *Avn C* чаще всего встречаются аллели *C3* (37,5%) и *C2* (20,8%). Аллель *C1* имеет частоту встречаемости 16,7%, а *C7*–12,5%.

На основе данных о частоте встречаемости аллелей авенин-кодирующих локусов были рассчитаны показатели генетической структуры популяции сортообразцов и внутривидовое генетическое разнообразие (табл. 8).

Таблица 7

Частота встречаемости аллелей авенин-кодирующих локусов в селекционном материале голозерного овса ФИЦ «Немчиновка» (для основных биотипов)

№ п/п	Локус <i>Avn A</i>		Локус <i>Avn B</i>		Локус <i>Avn C</i>	
	аллель	частота встречаемости, %	аллель	частота встречаемости, %	аллель	частота встречаемости, %
1	2	45,8	1	45,8	3	37,5
2	10	29,2	6	12,5	2	20,8
3	new2	8,3	new1	12,5	1	16,7
4	new3	8,3	7	12,5	7	12,5
5	11	8,3	4	12,5	5	8,3
6			new2	4,2	new1	4,2

Таблица 8

Генное разнообразие (H), внутривидовое разнообразие (μ) и доля редких морф (h) в популяции исследованных сортобразцов овса

Авенин-кодирующий локус	Показатель				
	генное разнообразие, H			внутривидовое разнообразие, μ	доля редких морф, h
<i>Avn A</i>	0,71	0,75±0,041	5	4,33±0,354	0,13
<i>Avn B</i>	0,75		6	5,27±0,400	0,12
<i>Avn C</i>	0,79		6	5,39±0,367	0,09

Оценка величины внутривидового разнообразия дает возможность определить степень разнокачественности особей в популяции. При этом чем равномернее распределены аллели в выборке, тем ближе μ к значению общего числа вариаций признака. На основе данного показателя рассчитывается значение доли редких морф, по которому можно судить о стабильности анализируемой популяции. Значение h возрастает в неблагоприятных условиях при увеличении генетической изменчивости, что является следствием адаптивных способностей популяции к стрессовым воздействиям.

Согласно данным таблицы 8 в популяции исследованных сортобразцов голозерного овса наибольшее внутривидовое генетическое разнообразие характерно для локуса *Avn C*. По этому же локусу наблюдается самое низкое значение доли редких морф – 0,09. Минимальные значения внутривидового и внутривидового генетического разнообразия отмечены для локуса *Avn A* – 0,71 и 4,33 соответственно. Величина доли редких морф по этому локусу максимальна для данной выборки – 0,13. Вероятно, аллели локуса *Avn A* сцеплены с адаптивными генными комплексами и могут быть перспективными для дальнейшего изучения в качестве маркеров ценных ассоциаций генов.

В целом генетическое разнообразие по всем трем авенин-кодирующим локусам в исследованной выборке характеризуется как высокое. Это свидетельствует об эффективном использовании в селекционном процессе по овсу в ФИЦ «Немчиновка» генетически разнообразного исходного материала. Наличие совпадающих электрофоретических спектров в образцах не имело отрицательного влияния на показатели генетической структуры проанализированной популяции образцов. В основных биотипах исследованных сортообразцов выявлены новые аллели с частотой встречаемости от 4,2 до 12,5% (табл. 7). Также высокую частоту встречаемости имеют аллельные варианты, редкие в сортах происхождения из других регионов (*A10*, *B6*, *C7*). По нашему мнению, это может свидетельствовать о формировании в ФИЦ «Немчиновка» отдельного генного пула, характерного для данного селекционного центра.

Выводы

Разработаны эталонные спектры проламина для 14 образцов овса посевного секции ФИЦ «Немчиновка». Установлено, что все исследованные образцы – гетерогенные по компонентному составу авенина. Количество биотипов в образцах варьирует от 2 до 14. Обнаружены блоки компонентов авенина, отсутствующие в каталоге генетической номенклатуры: по локусу *Avn A* – 4 блока; *Avn B* – 2 блока; *Avn C* – 1 блок. Определен их вероятный компонентный состав. Выявлено 14 групп, объединяющих генотипы с идентичным компонентным составом авенина.

Для выявления причин идентичности биотипов разных сортов и селекционных линий необходим анализ их родословных. Установлено, что по локусу *Avn A* максимальную частоту встречаемости имеет аллель *A2* (45,8%). На втором месте по частоте встречаемости был аллель *A10*–29,2%. По локусу *Avn B* наибольшую частоту встречаемости имеет аллель *B1*–45,8%. По локусу *Avn C* чаще всего встречаются аллели *C1* (37,5%), *C2* (20,8%) и аллель *C7* (12,5%). Установлено высокое значение среднего генного разнообразия по всем трем локусам. Это свидетельствует об эффективном использовании в селекционном процессе генетически разнообразного исходного материала.

Библиографический список

1. Биометрия: Учебное пособие / Н.В. Глотов, Л.А. Животовский, Н.В. Хованов, Н.Н. Хромов-Борисов. – Ленинград: Ленинградский государственный университет им. А.С. Пушкина, 1982. – 263 с.
2. Изучение генетического разнообразия сортов мягкой озимой пшеницы по глиадинкодирующим локусам / А.Ю. Новосельская-Драгович Л.А. Беспалова, А.А. Шишкина [и др.] // Генетика. – 2015. – Т. 51, № 3. – С. 324. – DOI 10.7868/S0016675815030108.
3. Молекулярно-биологические исследования генофонда культурных растений в ВИРе (1967–2007 гг.) / Сост. В.В. Сидорова, А.В. Конарев. – Изд. 2-е доп. – СПб.: ВИР, 2007. 134 с.
4. Конарев А.В. Использование молекулярных маркеров в решении проблем генетических ресурсов растений и селекции / А.В. Конарев // Аграрная Россия. – 2006. – № 6. – С. 4–22.
5. Любимова А.В. Изучение характера наследования компонентов авенина у гибридов F_2 от скрещивания сортов овса посевного сибирской селекции / А.В. Любимова // Аграрный вестник Урала. – 2022. – № 2 (217). – С. 48–59. – DOI: 10.32417/1997-4868-2022-217-02-48-59.
6. Поморцев А.А. Структура полиморфизма гордеинов, контролируемых аллелями локусов *HrdA* и *HrdB*, в диком ячмене (*Hordeum spontaneum* С.

Koch) / А.А. Поморцев, А.В. Рубанович, Е.В. Лялина // Генетика. – 2022. – Т. 58, № 3. – С. 267–298. – DOI: 10.31857/S0016675822030110.

7. Генетический контроль авенинов и принципы их классификации / В.А. Портянко, А.А. Поморцев, Н.А. Калашник [и др.] // Генетика. – 1987. – № 23 (5). – С. 845–853.

8. A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm / E. Metakovsky, V. Melnik, M. Rodriguez-Quijano [et al.] // The Crop Journal. – 2018. – V. 6, Is. 6. – P. 628–641. – DOI: 10.1016/j.cj.2018.02.003.

9. *Hailegiorgis D.* Allelic variation at the gliadin coding loci of improved Ethiopian durum wheat varieties / D. Hailegiorgis, C.A. Lee, S.J. Yun // Journal of Crop Science and Biotechnology. – 2017. – V. 20(4). – P. 287–293.

10. The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop / N. Kamal, N. Tsardakas Renhuldt J. Bentzer [et al.] // Nature. – 2022. – V. 606. – P. 113–119. – DOI: 10.1038/s41586-022-04732-y

11. *Kapala A.* Variability of electrophoretic subunit patterns of hordein proteins in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) // Genetica Polonica. 1981. V. 22. N. 2. P. 163–176.

12. *Nielsen G.* and *Johansen H.B.* Proposal for identification of barley varieties based on the genotypes for 2 hordein and 39 isoenzyme loci of 47 reference varieties // Euphytica. 1986. V. 35. P. 717–728.

13. *Nevo E., Beiles A., Storch N.* Microgeographic edaphic differentiation in hordein polymorphism of wild barley // Theor. Appl. Genet. 1983. V64. P. 123–132.

14. *Nei M.* Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases / M. Nei, W. Li // Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1979, vol. 76. pp. 5269–5273.

GENETIC DIVERSITY OF VARIETIES AND LINES OF NAKED OATS OF THE SELECTION OF FRC “NEMCHINOVKA”

A.D. KABASHOV¹, A.V. LYUBIMOVA², N.M. VLASENKO¹, A.S. KOLUPAEVA¹

¹Federal Research Center “Nemchinovka”,

²Federal Research Centre “The Tyumen Scientific Centre of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences”)

To assess the control of biotype constancy of naked oat varieties during cultivation, a highly effective method of electrophoresis of spare seed proteins – prolamins – is increasingly used in primary seed production. The aim of the research was to certify naked oat varieties of the FRC “Nemchinovka” selection and to analyze their genetic diversity using alleles of avenin-coding loci. Chemical-technological, computational-constructive and statistical research methods were used in the work. The method of electrophoresis of spare alcohol-soluble proteins of oats – avenins – was used. Electrophoresis was carried out in vertical plates of 13.2% polyacrylamide gel at a constant voltage of 500 V using VE-20 electrophoretic chambers (Helicon, Russia). As a result of the conducted studies, it was found that all the analyzed samples were heterogeneous in the composition of avenin components, with the number of biotypes ranging from 2 to 14 pcs. The frequency of occurrence of biotypes in the samples varied from 1.0 to 97.0%. The blocks of avenin components missing in the catalog of genetic nomenclature were found: four blocks by Avn A locus, two blocks by Avn B locus, and one block by Avn C locus. Their probable component composition was determined. A high value of the average gene diversity was found for all three loci. This indicates the effective use of genetically diverse source material in the breeding process.

Keywords: primary seed production, electrophoresis, biotype composition of the variety, naked oats.

References

1. Glotov N.V., Zhivotovsky L.A., Khovanov N.V., Khromov-Borisov N.N. Biometrics: Textbook. Leningrad: Leningradskiy gosudarstvenniy universitet im. A.S. Pushkina, 1982:26. (In Russ.)
2. Novosel'skaya-Dragovich A.Yu., Bespalova L.A., Shishkina A.A. et al. Study of the genetic diversity of soft winter wheat varieties by gliadin-coding loci. *Russian Journal of Genetics*. 2015;51(3):324. (In Russ.) <https://doi.org/10.7868/S0016675815030108>
3. Sidorova V.V., Konarev A.V. (comp.). Molecular biological studies of the gene pool of cultivated plants at VIR (1967–2007). 2nd ed., add. St. Petersburg: VIR, 2007:134. (In Russ.)
4. Konarev A.V. The use of molecular markers in solving problems of plant genetic resources and selection. *Agrarnaya Rossiya*. 2006;6:4–22. (In Russ.)
5. Lyubimova A.V. Studying the nature of inheritance of avenin components in F₂ hybrids from crossing oat varieties of Siberian selection. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2022;2(217):48–59. (In Russ.) <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2022-217-02-48-59>
6. Pomortsev A.A., Rubanovich A.V., Lyalina E.V. The polymorphism structure of hordeins encoded by the Hrd A and Hrd B loci in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch). *Russian Journal of Genetics*. 2022;58(3):267–298. (In Russ.) <https://doi.org/10.31857/S0016675822030110>
7. Portyanko V.A., Pomortsev A.A., Kalashnik N.A., Bogachkov V.I., Sozinov A.A. Genetic control of avenins and principles of their classification. *Russian Journal of Genetics*. 1987;23(5):845–853. (In Russ.)
8. Eugene Metakovsky, Viktor Melnik, Marta Rodriguez-Quijano, Vladimir Upelnik, Jose Maria Carrillo. A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm. *The Crop Journal*. 2018;6(6):628–641. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2018.02.003>
9. Hailegiorgis D, Lee C.A, Yun S.J. Allelic variation at the gliadin coding loci of improved Ethiopian durum wheat varieties. *Journal of Crop Science and Biotechnology*. 2017;20(4):287–293.
10. Kamal N., Tsardakas Renhuldt N., Bentzer J. et al. The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. *Nature*. 2022;606:113–119. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04732-y>
11. Kapala A. Variability of electrophoretic subunit patterns of hordein proteins in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Genetica Polonica*. 1981;22(2):163–176.
12. Nielsen G., Johansen H.B. Proposal for identification of barley varieties based on the genotypes for 2 hordein and 39 isoenzyme loci of 47 reference varieties. *Euphytica*. 1986;35:717–728.
13. Nevo E., Beiles A., Storch N. Microgeographic edaphic differentiation in hordein polymorphism of wild barley. *Theor. Appl. Genet.* 1983;64:123–132.
14. Nei M., Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1979;76:5269–5273.

Александр Дмитриевич Кабашов, канд. с.-х. наук, и.о. заведующего лабораторией селекции и первичного семеноводства овса, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр «Немчиновка»; 143026, Российская Федерация, Московская область, г.п. Одинцово, р.п. Новоивановское, ул. Агрохимиков, 6; ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7450-3845>

Анна Валерьевна Любимова, канд. биол. наук, заведующий лабораторией, Федеральный исследовательский центр «Тюменский научный центр Сибирского отделения РАН»; 625026, Российская Федерация, г. Тюмень, ул. Малыгина, 86; ostapenkoav88@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1570-9595>

Николай Михайлович Власенко, канд. с.-х. наук, ведущий научный сотрудник лаборатории селекции и первичного семеноводства овса, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр «Немчиновка»; 143026, Российская Федерация, Московская область, г.п. Одинцово, р.п. Новоивановское, ул. Агрохимиков, 6; ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5832-7562>

Анастасия Сергеевна Колупаева, научный сотрудник лаборатории селекции и первичного семеноводства овса, ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр «Немчиновка»; 143026, Российская Федерация, Московская область, г.п. Одинцово, р.п. Новоивановское, ул. Агрохимиков, 6; ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2528-1422>

Aleksandr D. Kabashov, CSc (Ag), Acting Head of the Laboratory of Breeding and Primary Seed Production of Oats, Federal Research Center “Nemchinovka” (6, Agrokhimikov Str, Novoivanovskoe workers’settlement, Odintsovo, Moscow Region, 143026, Russian Federation; E-mail: ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-7450-3845>)

Anna V. Lyubimova, CSc (Bio), Head of the Laboratory, Federal Research Centre “The Tyumen Scientific Centre of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences” (86, Malygina Str., Tyumen, 625026, Russian Federation; E-mail: ostapenkoav88@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-1570-9595>)

Nikolay M. Vlasenko, CSc (Ag), Leading Research Associate, Laboratory of Breeding and Primary Seed Production of Oats, Federal Research Center “Nemchinovka” (6, Agrokhimikov Str, Novoivanovskoe workers’settlement, Odintsovo, Moscow Region, 143026, Russian Federation; E-mail: ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-5832-7562>)

Anastasia S. Kolupaeva, Research Associate, Laboratory of Breeding and Primary Seed Production of Oats, Federal Research Center “Nemchinovka” (6, Agrokhimikov Str, Novoivanovskoe workers’settlement, Odintsovo, Moscow Region, 143026, Russian Federation; E-mail: ovesmoskov@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2528-1422>)