

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОТИПОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И СИНТЕТИЧЕСКОЙ ГЕКСАПЛОИДНОЙ ПШЕНИЦЫ ПО МАРКЕРАМ ГЕНА-ИНГИБИТОРА СКРЕЩИВАЕМОСТИ С РОЖЬЮ *SKr*

Поротников И.В., Пюккенен В.П., Хакимова А.Г., Антонова О.Ю., Митрофанова О.П.
Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, *xAegilotriticum*, *Secale cereale*, скрещиваемость с рожью, *SKr*

Введение. Гибридизация мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) с рожью посевной (*Secale cereale* L.) – один из широко используемых способов обогащения ее генофонда и передачи в селекционные сорта генов адаптивности и хозяйственно-ценных признаков от ржи [7]. Другой важный источник расширения генетического разнообразия – синтетическая гексаплоидная пшеница *xAegilotriticum* P. Fourn (далее СГП), при гибридизации с которой в мягкую пшеницу можно переносить новые аллели генов от различных тетраплоидных пшениц и *Aegilops tauschii* (Coss.) Schmalh. [3, 8]. Известно, что за межродовую несовместимость мягкой пшеницы с рожью (завязываемость зерновок менее 10%) ответственны доминантные аллели генов *Kr1-Kr4* (*Crossability with Rye, Hordeum and Aegilops spp*) и *SKr* (*Suppressor of crossability*) [5]. У СГП, наряду с вышеуказанными генами, также обнаружены и другие локусы, контролирующие этот признак [9].

Цель работы. По тесно-сцепленным с геном *SKr* маркерам охарактеризовать выборку фенотипированных по скрещиваемости с рожью генотипов мягкой пшеницы и синтетической гексаплоидной пшеницы.

Материалы и методы. Материалом для исследования послужили 125 индивидуальных растений (далее генотипов), из них 110 – мягкая пшеница и 15 – СГП, которые были фенотипированы по скрещиваемости с рожью посевной.

Гибридизацию пшеницы с рожью проводили в поле НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» в июне-июле 2021-2023 гг. В качестве опылителей использовали сорта диплоидной ржи Prolific (к-10212), Ильмень (к-11000), Эра (к-11640) и Сударушка (к-11891). Опыление выполняли твел-методом согласно методическим указаниям [2]. Под «высокой» скрещиваемостью понимали завязываемость гибридных зерновок 20-100%; «низкой» – 0-10%.

Выделение тотальной ДНК проводили из листьев индивидуальных полевых растений с использованием метода SDS-экстракции [1]. Молекулярный скрининг осуществляли с привлечением двух сцепленных с *SKr* маркеров *Xcfb341* и *gene12*, взятых из литературных источников [4]. Для них описаны диагностические фрагменты, ассоциированные с высокой и низкой скрещиваемостью. Условия ПЦР использовали согласно рекомендациям авторов праймеров [4].

Результаты. По скрещиваемости с рожью генотипы были объединены в две группы: 37 с низкой (0-9 %) завязываемостью гибридных зерновок и 88 – с высокой (21-100 %). В результате молекулярного скрининга у генотипов обнаружено восемь комбинаций амплифицированных фрагментов (аллелей) маркерных локусов *Xcfb341* и *gene12* (таблица). Наиболее частыми были комбинации №1 (66,4 % выборки) и №2 (14,4 %), несущие диагностические фрагменты «высокой» и «низкой» скрещиваемости соответственно. Остальные комбинации характеризовались либо другим сочетанием диагностических фрагментов (№3), либо наличием фрагментов другого размера (№4-8). Наиболее разнообразными по выявленным аллельным сочетаниям были генотипы мягкой пшеницы. Генотипы СГП имели лишь комбинациями аллелей №1 и №2.

Комбинация №1, включающая диагностические фрагменты высокой скрещиваемости, действительно преобладала (78,4 %) у совместимых с рожью генотипов, то есть была правильная ассоциация аллель-признак. Однако эта комбинация также была распространена (37,8 %) среди несовместимых форм. Генотипы с диагностическими фрагментами низкой скрещиваемости (комбинация №2), при этом совместимые с рожью, составляли всего 5%, а несовместимые – 37,8 %.

Редкие аллели (комбинации №4-8) были выявлены как у генотипов с низкой, так и с высокой скрещиваемостью. Они были представлены в небольшом числе генотипов, отобранных из стародавних образцов мягкой пшеницы Афганистана, Пакистана, Монголии, России (Восточная Сибирь), Индии и Китая. Наиболее разнообразными по выявленным комбинациям аллелей были генотипы из Китая.

Таблица - Встречаемость комбинаций аллелей маркеров гена *SKr* у изученных генотипов мягкой пшеницы и СГП

Комбинация аллелей	Размеры амплифицированных фрагментов маркеров гена <i>SKr</i> (п.о.)		Число генотипов с комбинацией аллелей		Процент генотипов с комбинацией аллелей в группах со скрещиваемостью с рожью	
	<i>Xcfb341</i>	gene12	мягкая пшеница	СГП	низкой	высокой
№1	176	391	73	10	37,8	78,4
№2	163	342	13	5	37,8	4,5
№3	163	391	2	—*	2,7	1,1
№4	≈168	391	11	—	10,8	8,0
№5	≈135	—	4	—	5,4	2,3
№6	176	≈320	3	—	—	3,4
№7	≈141	342	2	—	5,4	—
№8	≈182	391	2	—	—	2,3

* — не выявлено

Выводы. Сформирована выборка генотипов мягкой пшеницы и СГП, хорошо скрещивающихся с рожью. С привлечением тесно сцепленных с *SKr* молекулярных маркеров дана характеристика генотипам. Правильную ассоциацию аллель-признак наблюдали у большинства (78,4 %) совместимых с рожью генотипов, что дает возможность предположить наличие у них рецессивных аллелей гена *SKr*. Выявленные несоответствия аллель-признак могут быть обусловлены влиянием других генов, контролирующей скрещиваемость мягкой пшеницы и СГП с рожью. Генотипы мягкой пшеницы имели большее аллельное разнообразие по тесно сцепленным с *SKr* маркерным локусам, чем СГП. Редкие аллели выявлены в генотипах стародавних образцов мягкой пшеницы из разных стран Азии, но не обнаружены у СГП.

От генотипов мягкой пшеницы, хорошо скрещивающихся с рожью и охарактеризованных с помощью ДНК-маркеров, заложены линии для последующего использования в научных исследованиях по отдаленной гибридизации и в селекции.

Благодарности. Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту: FGEM-2022-0008

Список литературы.

1. Дорохов, Д.Б., Клоке, Э. Быстрая и экономичная технология RAPD анализа растительных геномов / Д.Б. Дорохов, Э. Клоке // Генетика. - 1997. - Т. 33. - № 4. - С. 443-450.

2. Мережко, А. Ф. Эффективный метод опыления зерновых культур: методические указания / А.Ф. Мережко, Л.М. Ерохин, А.Е. Юдин. - Л.: Всесоюзный ордена Ленина научно-исследовательский институт растениеводства имени Н.И. Вавилова – Л, 1973. - 11 с.

3. Хакимова, А.Г., Губарева, Н.К., Кошкин, В.А., Митрофанова, О.П. Генетическое разнообразие и селекционная ценность синтетической гексаплоидной пшеницы, привлеченной в коллекцию ВИР / А.Г. Хакимова, Н.К. Губарева, В.А. Кошкин, О.П. Митрофанова // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2019 - Т. 23. - № 6. – С. 738-745.

4. Bouguennec, A., Lesage, V.S., Gateau, I., Sourdille, P., Jahier, J., Lonnet, P. Transfer of recessive *Skr* crossability trait into well-adapted French wheat cultivar Barok through marker-assisted backcrossing method / A. Bouguennec, V.S. Lesage, I. Gateau, P. Sourdille, J. Jahier, P. Lonnet // Cereal Research Communications. - 2018. - V 46. –I 4. – P. 604-615.

5. Laugerotte J., Baumann U., Sourdille P. Genetic control of compatibility in crosses between wheat and its wild or cultivated relatives / J. Laugerotte, U. Baumann, P. Sourdille // Plant Biotechnology Journal. - 2022. - V 20. - I 5. - P. 1-21.

7. Moskal, K., Kowalik, S., Podyma, W., Łapiński, B., Boczkowska, M. The Pros and Cons of rye chromatin introgression into wheat genome / K. Moskal, S. Kowalik, W. Podyma, B. Łapiński, M. Boczkowska // Agronomy. - 2021. - V 11. - I 3. - P. 1-17.

8. Mujeeb-Kazi, A., Rosas, V., Roldan, S. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh. (*Aegilops sguarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheat (*T. turgidum* L. s. lat. $\times T.$ *tauschii*; $2n = 6x = 42$, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement / A. Mujeeb-Kazi, V. Rosas, S. Roldan // Genet. Res. Crop Evol. - 1996. - I 39. - P. 129-134.

9. Zhang, L., Wang, J., Zhou, R., Jia, J. Discovery of quantitative trait loci for crossability from a synthetic wheat genotype / L. Zhang, J. Wang, R. Zhou, J. Jia // Journal of Genetics and Genomics. - 2011. - V 38. - I 8. - P. 373-378.

УДК:633.511.575.22

ИЗУЧЕНИЕ ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У ВНУТРИВИДОВЫХ РАЗНОВИДНОСТЕЙ ВИДА *G.HIRSUTUM* L. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

Сафиуллина Асия Камильовна, Эрназарова Дилрабо Кушбаковна, Кушанов Фахриддин Ньёматуллаевич

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Аннотация: В статье изучено хозяйственно-ценные признаки некоторых представителей вида *G. hirsutum* L. с помощью микросателлитных маркеров и определено расположение маркерных регионов в геноме. В общей сложности из 182 молекулярных маркерах полиморфизм наблюдался в 96, а в остальных 86 наблюдался мономорфный характер локусов.

Ключевые слова: *G. hirsutum* L., микросателлитных маркеров, *in silico*, полиморфизм, геном хлопчатника.

Abstract. In the article, economically valuable traits of some representatives of the *G.hirsutum* L. species were studied using microsatellite markers and the location of marker regions in the genome was determined. In total, out of 182 molecular markers, polymorphism was observed in 96, and in the remaining 86, a monomorphic character of the loci was observed.

Key words: *G.hirsutum* L., microsatellite markers, *in silico*, polymorphism, cotton genome.

Введение. Ещё в первые десятилетия развития генетики стало ясно, что генетические маркеры могут быть полезными при анализе сложных признаков и определении филогенетического родства. В качестве прямого доказательства монофилетического происхождения видов *Gossypium* L. на основе молекулярных данных рассматривается