

УДК 577.21

НОВЫЙ АЛЛЕЛЬ ГЕНА *VRN-D1* ДЕТЕКТИРОВАН В ГЕНОМЕ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

А. Ф. Мутерко¹, И. А. Балашова²

^{1,2} Селекционно-генетический институт, Национальный центр семеноводства и сортоизучения, отдел геномики и биотехнологии, Овидиопольская дорога, 3, г. Одесса, 65036, Украина.

Предыдущие исследования установили, что потребность пшеницы в яровизации определяется аллельным составом генов системы *Vrn* (*Vrn1*, *Vrn2*, *Vrn3* и *Vrn4*) [1–4]. При этом наличие в геноме доминантных аллелей генов *Vrn1* является наиболее распространённой причиной обуславливающей нивелирование яровизационной потребности в сортах мягкой и твёрдой пшеницы по отношению к другим *Vrn* генам. Гены *Vrn1* локализованы в длинных плечах хромосом пятой гомеологической группы (*Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*) [5, 6]. Они ортологиичны MADS-домен-содержащим генам (*APETALA1*, *CAULFLOWER* и *FRUITFULL*) арабидопсиса, которые регулируют переход от вегетативной стадии развития к репродуктивной [7]. Влияние различных аллелей генов системы *Vrn1* на фенотип не равнозначный, поэтому они имеют различную селекционную ценность зависящую, главным образом, от конкретного региона выращивания.

Популярной селекционной практикой является использование малораспространённых видов гексаплоидной пшеницы в качестве генетического источника новых аллельных вариантов генов агрономически-ценных признаков. В связи с чем был проведен молекулярно-генетический скрининг плёнчатой и голозёной пшеницы с целью определения распространённости аллельных вариантов гена *Vrn-D1* и выявления новых аллелей этого гена. Анализировали образцы пяти видов гексаплоидной пшеницы (*Triticum compactum*, *T. sphaerococcum*, *T. spelta*, *T. vavilovii* и *T. macha*) из различных эколого-географических зон 35 стран мира.

Методом мультиплекс-ПЦР-анализа исследовали участок интрона-1 гена *Vrn-D1*. В ходе сепарации ампликонов в образцах вида *T. spelta* был детектирован полиморфизм длинны продуктов амплификации не ассоциированный ни с одним из известных аллелей. В результате выравнивания нуклеотидных последовательностей полиморфных ампликонов с референсными последовательностями доминантных и рецессивных аллелей гена *Vrn-D1* выявлено инсерцию размером 844 п.н. в интактный интрон-1. Новый аллель гена *Vrn-D1* был обозначен как *Vrn-D1s*. Инсерция локализована в критической области первого интрона, т.е. мутации, возникающие на данном участке генов *Vrn1*, ассоциированы с изменением типа развития (нивелируют потребность в яровизации) пшеницы и ячменя [8, 9]. Однако влияние данной мутации на фенотип в настоящее время не изучено.

В результате структурного анализа нуклеотидной последовательности инсерции был идентифицирован неавтономный, транспозирующийся ДНК-элемент принадле-жащий к суперсемейству *hAT*. Дальнейшее исследование этого транспозона с применением методов биоинформатического анализа полногеномных сиквенсов мягкой пшеницы и поиск подобия в биологических базах данных позволил идентифицировать новое семейство неавтономных транспозирующихся элементов ранее не изученных в геноме *Triticum*. Характерной особенностью данного семейства является специфическая комбинация 5'- и 3'-терминальных инвертированных повторов (TIR) содержащих не синонимичные однонуклеотидные замены (SNP) в определённых сайтах.

Литература

1. Pugsley A.T. Additional genes inhabiting winter habit in wheat / A.T. Pugsley // *Euphytica*. – 1972. – Vol. 21. – P. 547–552.
2. The wheat *VRN2* gene is a flowering repressor down-regulated by vernalization / L. Yan, A. Loukoianov, A. Blechl [et al.] // *Science*. – 2004. – Vol. 303 (5664). – P. 1640–1644.
3. The wheat and barley vernalization gene *VRN3* is an orthologue of *FT* / L. Yan, D. Fu, C. Li [et al.] // *Proc Natl Acad Sci USA*. – 2006. – Vol. 103 (51). – P. 19581–19586.
4. *Vrn-D4* is a vernalization gene located on the centromeric region of chromosome 5D in hexaploid wheat / T. Yoshida, H. Nishida, J. Zhu [et al.] // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2010. – Vol. 120 (3). – P. 543–552.
5. Law C. The genetic control of ear emergence time by chromosomes 5A and 5D of wheat / C. Law, A. Worland, B. Giorgi // *Heredity*. – 1975. – Vol. 36 (1). – P. 49–58.
6. Genetic analysis of *Vrn-B1* for vernalization requirement by using linked dCAPS markers in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) / K. Iwaki, J. Nishida, T. Yanagisawa [et al.] // *Theor Appl Genet*. – 2002. – Vol. 104 (4). – P. 571–576.
7. Ferrandiz C. Redundant regulation of meristem identity and plant architecture by *FRUITFULL*, *APETALA1* and *CAULIFLOWER* / C. Ferrandiz, Q. Gu, R. Martienssen, M. F. Yanofsky *Development*. – 2000. – Vol. 127. – P. 725–734.
8. Large deletions within the first intron in *VRN-1* are associated with spring growth habit in barley and wheat / D. Fu, P. Szucs, L. Yan [et al.] // *Mol Gen Genomics*. – 2005. – Vol. 273(4). – P. 54–65.
9. Molecular and structural characterization of barley vernalization genes / J. von Zitzewitz, P. Szucs, J. Dubcovsky [et al.] // *Plant Mol Biol*. – 2005. – Vol. 59. – P. 449–467.