

## Гены, определяющие антоциановую пигментацию картофеля *Solanum tuberosum* L., как мишени для селекции сортов с высокой пищевой ценностью

К.В. Стрыгина<sup>1\*</sup>, А.В. Кочетов<sup>1</sup>, Е.К. Хлесткина<sup>1, 2, 3</sup>

<sup>1</sup> ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

<sup>3</sup> ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

\* e-mail [pushpandzhali@bionet.nsc.ru](mailto:pushpandzhali@bionet.nsc.ru)

Антоцианиновые пигменты представляют собой вторичные метаболиты растений, имеющие множественные биологические функции. Активация синтеза антоцианов происходит с помощью MBW, который формируется факторами транскрипции MYB, bHLH и WD40. Определенные гены и их аллельные варианты, влияющие на фенотип (фиолетовая или красная кожура клубня, фиолетовая или красная мякоть, фиолетовые листья, стебли), еще не идентифицированы. Целью нашего исследования является выявление аллельных различий, лежащих в основе фенотипической вариации по признакам окраски картофеля, и разработка аллель-специфических ДНК-маркеров для будущих программ селекции картофеля.

Информация о известных генах MYB-, bHLH- и WD40-кодирующих данных была использована для разработки аллель-специфических маркеров для анализа регуляторных генов. Диагностические маркеры ДНК были разработаны для каждого из идентифицированных генов и их аллельных вариантов. Используя ОТ-ПЦР для восьми генотипов, отличающихся окраской, мы сравнивали активность некоторых копий генов MYB, bHLH и WD40. Были выделены регуляторные гены семейств MYB (*StANI*, *StMYBA1*, *StMYB113*), bHLH (*StJAF13* и *StbHLH1*), WD40 (*StWD40*). Мы показали, что основным регулятором появления антоциановой окраски в листьях и стеблях среди генов, кодирующих факторы MYB, является *StANI*. Экспрессия других генов, кодирующих факторы MYB, а также генов, кодирующих bHLH и WD40, не коррелировала с окраской картофеля.

Таким образом, мы разработали внутригенные маркеры, благодаря которым могут быть обнаружены различия в аллелях *StANI*. Однако из-за высокого аллельного разнообразия в этом локусе разработанные маркеры не могли использоваться отдельно для прогнозирования окраски стебля и клубней. Для разработки эффективных маркеров необходим дальнейший анализ нуклеотидных последовательностей и идентификация связи генетических полиморфизмов с уровнем транскрипции. В целом результаты исследования важны для понимания механизмов, определяющих специфику регуляции синтеза антоцианов.

*Благодарности:* Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 16-16-04073.