

Список литературы

1. Сколотнева Е.С. и др. Расовый состав новосибирской популяции *Puccinia graminis f. sp. tritici* // Микология и фитопатология. – 2020. – Т. 54. – №. 1. – С. 49–58.
2. Наумов Н.А., Гешель Е.Е., Шитикова-Русакова А.А. Ржавчина хлебных злаков в СССР: монографическая сводка. – Сельхозгиз, 1939.
3. Bariana H.S., McIntosh R.A. Cytogenetic studies in wheat. XV. Location of rust resistance genes in VPM1 and their genetic linkage with other disease resistance genes in chromosome 2A // Genome. – 1993. – Т. 36. – №. 3. – С. 476–482.
4. Chen S. et al. Identification and characterization of wheat stem rust resistance gene Sr21 effective against the Ug99 race group at high temperature // PLoS genetics. – 2018. – Т. 14. – №. 4.
5. Harrison N.R. et al. Using RNA sequencing and in silico subtraction to identify resistance gene analog markers for Lr16 in wheat // The Plant Genome. – 2015. – Т. 8. – №. 2.
6. Hayden M.J., Sharp P.J. Sequence-tagged microsatellite profiling (STMP): a rapid technique for developing SSR markers // Nucleic acids research. – 2001. – Т. 29. – №. 8. – С. e43–e43.
7. Helguera M. et al. PCR assays for the Lr37-Yr17-Sr38 cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines // Crop Science. – 2003. – Т. 43. – №. 5. – С. 1839–1847.
8. McIntosh R.A. et al. Cytogenetical studies in wheat. XIII: Sr 35—a third gene from Triticum monococcum for resistance to Puccinia graminis tritici // Zeitschrift für Pflanzenzüchtung. – 1984. – Т. 92. – №. 1. – С. 1–14.
9. Saintenac C. et al. Identification of wheat gene Sr35 that confers resistance to Ug99 stem rust race group // Science. – 2013. – Т. 341. – №. 6147. – С. 783–786.
10. Shamanin V. et al. Genetic diversity of spring wheat from Kazakhstan and Russia for resistance to stem rust Ug99 // Euphytica. – 2016. – Т. 212. – №. 2. – С. 287–296.
11. The T.T. Chromosome location of genes conditioning stem rust resistance transferred from diploid to hexaploid wheat // Nature New Biology. – 1973. – Т. 241. – №. 112. – С. 256–256.
12. Zhang W. et al. Genetic maps of stem rust resistance gene Sr35 in diploid and hexaploid wheat // Crop science. – 2010. – Т. 50. – №. 6. – С. 2464–2474.

DOI 10.18699/GPB2020-34

Новые гены-кандидаты, определяющие текстуру зерна у российских сортов мягкой пшеницы

Киселева А.А.^{1*}, к.б.н., н.с., Леонова И.Н.¹, Пшеничникова Т.А.¹, Салина Е.А.¹

¹ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск, Россия.

*e-mail: antkiseleva@bionet.nsc.ru

В ходе данного исследования на материале коллекции яровых сортов мягкой пшеницы отечественной селекции подтверждена ключевая роль пу-роиндолинов в формировании текстуры зерна, а также с использованием

GWAS выявлены новые локусы, ассоциированные с признаком. Анализ генов из данных локусов с использованием опубликованной аннотации генома пшеницы (IWGSC), а также данные экспрессии, позволил предложить несколько генов-кандидатов из состава выявленных локусов. Эти гены вовлечены в метаболизм галактолипидов, углеводов и дефензинов.

Ключевые слова: текстура зерна, твердозерность, пуриноидины, *Triticum aestivum*.

New candidate genes determining grain texture in Russian wheat varieties

Kiseleva A.A., Leonova I.N., Pshenichnikova T.A., Salina E.A.

Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences (IC&GSBRAS), Novosibirsk, Russia.

e-mail: antkiseleva@bionet.nsc.ru

In this study, using the collection of common spring wheat accessions, we confirmed the key role of puroindolines for the grain texture, and identified new loci associated with the trait using GWAS. Analysis of the genes from these loci using the published annotation of the wheat genome (IWGSC), and the expression data, allowed us to propose several candidate genes from the identified loci. These genes are involved in the metabolism of galactolipids, carbohydrates and defensins.

Key words: grain texture, grain hardness, puroindolines, Triticum aestivum.

Текстура зерна (твердозерность) хлебной пшеницы является ключевым признаком, от которого зависит качество помола и выпечки. Мука из твердозерных сортов пшеницы характеризуется более крупными частицами и большим количеством поврежденных гранул крахмала. Мука такого типа лучше поглощает воду во время образования теста [1].

Ранее было показано, что локус *Ha*, расположенный на коротком плече 5D хромосомы, играет решающую роль в структуре эндосперма [2, 3]. В состав данного локуса входят гены *puroindoline a*, *puroindoline b* и *GSP-1* [4]. Также в формирование данного признака вносят вклад *puroindoline-like* гены, картированные на хромосомах группы 7 [5]. Были выявлены и некоторые другие локусы, но не было предложено никаких конкретных генов, участвующих в организации твердости зерна.

В данной работе мы исследовали генетические детерминанты твердозерности *T. aestivum* на материале сортов яровой пшеницы отечественной селекции, адаптированных к условиям Урала и Западной Сибири. Для изучения аллельного разнообразия известных генов, обуславливающих твердозерность, использовали аллель-специфическую ПЦР. Результаты генотипирования показали, что 25% исследованных сортов несут аллель *Pina-D1k*, ко-

торый характеризуется отсутствием генов *Pina* и *Pinb* (двойной нулевой аллель). *Pina-D1k*, как известно, имеет наибольшее влияние на твердость зерна по сравнению с другими аллелями *Pina* и *Pinb* [6]. Кроме того, он является довольно редким [7].

Для выявления новых локусов мы провели полногеномный анализ ассоциаций с использованием данных высокопроизводительного секвенирования (чип Illumina Wheat 15K) и двухгодичного анализа фенотипа. Всего было обнаружено 26 SNP и *Pina*-специфичный маркер, которые показали значимую ассоциацию с признаком ($P\text{-value} < 0,001$). Аллель *Pina-D1k* демонстрировал наиболее сильное влияние на фенотип, подтверждая ключевую роль гена в формировании текстуры эндосперма. Другие значимые локусы располагались на 1B, 3A, 5B, 6A, 6D, 7B и 7D хромосомах. Среди этих локусов наибольший интерес представляют локусы на 5B и 7B хромосомах, поскольку они представлены группами сцепленных маркеров (от 5 до 7) и являются значимыми после поправки на множественное тестирование ($FDR \leq 0.05$). Мы проанализировали гены из состава данного локуса с использованием опубликованной аннотации генома пшеницы (*IWGSC*), а также опубликованные данные по экспрессии этих генов.

Наиболее вероятными кандидатами являются *TraesCS5B02G011700*, кодирующий α -галактозидазу, *TraesCS5B02G010300*, кодирующий 1,3- β -глюкансинтазу, и *TraesCS3A01G442500*, *TraesCS3A01G442700*, *TraesCS3A01G445500*, *TraesCS7D02G411700*, кодирующие дефензины.

Ген *TraesCS5B02G011700* кодирует α -галактозидазу, которая участвует в метаболизме DGDG. Ранее уже было показано, что различные липиды могут участвовать в определении текстуры зерна пшеницы [8]. Мы предполагаем, что соотношение галактолипидов MGDG и DGDG может регулировать ассоциацию пуриноидинов и липидного слоя, контролируя, таким образом, текстуру эндосперма.

Ген *TraesCS5B02G010300* кодирует 1,3- β -глюкансинтазу. В ячмене содержание (1 $\rightarrow$ 3; 1 $\rightarrow$ 4)- β -глюкана в зерне коррелирует с текстурой зерна. Мы полагаем, что у пшеницы данный углевод также может оказывать влияние на твердозерность.

Гены *TraesCS3A01G442500*, *TraesCS3A01G442700*, *TraesCS3A01G445500* и *TraesCS7D02G411700* кодируют дефензины. Эти защитные белки, расположенные в белково-липидном матриксе вокруг крахмальных гранул эндосперма пшеницы, также могут вносить вклад в структуру зерна пшеницы.

Таким образом, в данной работе мы подтвердили комплексную природу текстуры зерна пшеницы и выявили новые гены-кандидаты и метаболические пути, которые могут вносить вклад в формирование признака.

Благодарности: Данная работа выполнена при поддержке Российского Научного Фонда (Проект No. 16-16-00011-P)

Список литературы

1. Morris C.F., Rose S.P. Cereal Grain Quality // Crop Science / ed. Kettlewell R.J., Henry P.S. Dordrecht: Springer, 1996. Vol. 38, № 1. P. 3–54.
2. Law C.N. et al. The study of grain protein control in wheat using whole chromosome substitution lines // Seed protein improvement by nuclear technique. 1978. P. 483–502.
3. Morris C.F. Puroindolines: The molecular genetic basis of wheat grain hardness // Plant Mol. Biol. 2002. Vol. 48, № 5–6. P. 633–647.
4. Glenn G., Saunders R. Physical and structural properties of wheat endosperm associated with grain texture // Cereal chemistry. 1990. Vol. 67, № 2. P. 176–182.
5. Wilkinson M. et al. Identification and genetic mapping of variant forms of puroindoline b expressed in developing wheat grain // J. Cereal Sci. Elsevier Ltd, 2008. Vol. 48, № 3. P. 722–728.
6. Takata K. et al. Comparison of five puroindoline alleles on grain hardness and flour properties using near isogenic wheat lines // Breed. Sci. 2010. Vol. 60, № 3. P. 228–232.
7. Shaaf S. et al. The grain Hardness locus characterized in a diverse wheat panel (*Triticum aestivum* L.) adapted to the central part of the Fertile Crescent: genetic diversity, haplotype structure, and phylogeny // Mol. Genet. Genomics. Springer Berlin Heidelberg, 2016. Vol. 291, № 3. P. 1259–1275.
8. Greenblatt G.A., Bettge A.D., Morris C.F. Relationship between endosperm texture and the occurrence of friabilin and bound polar lipids on wheat starch // Cereal Chemistry. 1995. Vol. 72, № 2. P. 172–176.

DOI 10.18699/GPB2020-35

Устойчивость перспективных селекционных линий яровой мягкой пшеницы, созданных в Челябинском НИИ сельского хозяйства, к листовым пятнистостям

Коваленко Н.М.^{1}, к.б.н., с.н.с.; Тюнин В.А.², д.с.-х.н., г.н.с.; Куши-
ренко И.Ю.², к.б.н., в.н.с.; Шрейдер Е.Р.², к.с.-х.н., в.н.с.; Колесова М.А.³,
к.б.н., в.н.с.; Гультияева Е.И.¹, д.б.н., в.н.с.*

¹Всероссийский НИИ защиты растений, Санкт-Петербург, Россия;

²Челябинский НИИСХ, пос. Тимирязевский, Россия;

³ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений им.
Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия.

*e-mail: nadyakov@mail.ru

*Изучена устойчивость в фазе проростков и взрослых растений у пер-
спективного селекционного материала ЧНИИСХ к листовым пятнисто-
стям – септориозу и пиренофорозу. В лабораторных условиях проведено
уточнение видов пятнистостей с использованием метода микрокопирова-
ния и питательных сред. Показано, что возбудителем септориоза в усло-
виях Южного Урала в 2019 г. был гриб *Parastagonaspora nodorum* (=Septoria*