

Локализация гена FAS линий Немчиновский и Штамбовый гороха посевного (*Pisum sativum* L.)

Гордон М.Л. *, аспирант ¹, м.н.с. ²; Жернаков А.И., м.н.с. ¹; Кулаева О.А., с.н.с. ¹, к.б.н.; Зорин Е.А., м.н.с. ¹, к.б.н.; Жуков В.А., зав. лаб. ¹, к.б.н.

¹Лаборатория генетики растительно-микробных взаимодействий Всероссийского научно-исследовательского института сельскохозяйственной микробиологии (ВНИИСХМ), Санкт-Петербург, Россия

²Лаборатория Физиологической генетики гуара Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

*email: m.gordon.zelenoborsky@gmail.com

В данной работе проведено сравнение двух линий гороха посевного – Немчиновский и Штамбовый – обладающих аллелями гена FAS дикого типа и мутантной. Проанализированы данные геномного и транскриптомного секвенирования для обеих линий. Сделано предположение о локализации гена FAS и выявлены нуклеотидные полиморфизмы, отличающие исходную линию от мутантной.

Ключевые слова: фасциация, FAS, горох посевной, *Pisum sativum*, Немчиновский, Штамбовый.

Localization of the FAS gene of the Nemchinovsky and Stambovy lines of garden pea (*Pisum sativum* L.)

Gordon M.L.^{1,2*}, Zhernakov A.I.¹, Kulaeva O.A.¹, Zorin E.A.¹, Zhukov V.A.¹

¹Genetics of Plant-Microbe Interactions laboratory, Russian National Research Institute of Agricultural Microbiology (ARRIAM), St. Petersburg, Russia

²Guar Physiological Genetics laboratory, N.I.Vavilov Russian National Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia

*email: m.gordon.zelenoborsky@gmail.com

This work compares two pea lines – Nemchinovsky and Shtambovy – possessing wild type and mutant alleles of the FAS gene. Genomic and transcriptomic sequencing data for both lines have been analyzed. We have pinpointed genomic location of the FAS gene and identified nucleotide polymorphisms that distinguish the two lines.

Key words: fasciation, FAS, garden pea, *Pisum sativum*, Nemchinovsky, Shtambovy.

Явление фасциации широко представлено в различных группах растений. В его основе лежит незавершенное разделение меристем при формировании различных органов, что внешне проявляется как утолщение стеблей, сдвоенность цветков, увеличение размеров плодов и другие аналогичные явления. Хотя разрастание отдельных органов растений вследствие фасциации может иметь хозяйственную ценность [1], куда больший интерес данное фенотипическое проявление представляет в контексте изучения генетического контроля развития меристем.

Для гороха посевного (*Pisum sativum* L.) известны мутантные линии, демонстрирующие явление фасциации. Генетический контроль этого признака для *P. sativum* впервые исследован ещё Грегором Менделем. Фасциация в его работе наследовалась как моногенный рецессивный признак. Позднее ген, ответственный за проявление фасциации, был назван *FASCIATA* (*FA*). Последующие исследования показали, что признак фасциации может контролироваться 2 или 3 генами [2]. Ген *FA2* был локализован в V группе сцепления. Точная локализация остальных генов, отвечающих за данный признак, остаётся неясной. В литературных данных встречаются предположения, что один из генов *FAS* кодирует компонент системы *CLAVATA*.

В представленной работе нами были использованы данные полногеномного секвенирования гороха посевного сорта Немчиновский, несущий аллель гена *FAS* дикого типа, и линии Штамбовый, обладающую мутантной копией гена *fas*.

В результате анализа данных секвенирования и детектирования нуклеотидных полиморфизмов, дополненных сопоставлением с транскриптомными данными, полученными ранее в нашей лаборатории, было установлено наиболее вероятное положение гена *FAS*. По нашим данным, наиболее вероятным кандидатом на роль гена *FAS* является *Psat5g277640* в координатах референсного генома линии Cameor [3].

Список литературы

- 1 Цаценко Людмила Владимировна, Дмитрова Елена Сергеевна Явление фасциации – феномен в развитии у растений // Научный журнал КубГАУ. 2023. №190.
- 2 Синюшин А.А., Гостимский С.А. Фасциация у гороха посевного: основные закономерности морфогенеза // Онтогенез. 2006. № 37(6). Р. 449–457.
- 3 Kreplak, Jonathan, et al. A reference genome for pea provides insight into legume genome evolution // Nature genetics. 2019. №51.9. Р.1411–1422.