

In silico-анализ полиморфизма генов, контролирующих высоту растений, в пангеноме ячменя

И.В. Поротников*, К.А. Лукина, О.Ю. Антонова, О.Н. Ковалева

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова», Санкт-Петербург, Россия

* i.v.porotnikov@gmail.com

Цель: Целью исследования является изучение полиморфизма генов *sdw1/denso* (*HvGA20ox2*), *uzul* (*HvBR11*), *ari-e* (*HvDep1*) и *Sln1* культурного ячменя, первые три из которых активно используются в селекции короткостебельных форм. Ген *Sln1* – ортолог генов «зеленой революции» *Rht-B1* и *Rht-D1* мягкой пшеницы, для которого, однако, известны только индуцированные мутанты (Chandler et al., 2002), природный же полиморфизм у культурного ячменя никогда не изучался.

Материалы и методы: Материалом для исследования послужили последовательности генов *HvGA20ox2*, *HvBR11*, *HvDep1* и *Sln1* у 53 генотипов культурного ячменя, представленных в пангеноме (Jiao et al., 2024). Извлечение и выравнивание последовательностей генов проводили в программе Unipro UGENE.

Результаты: Наиболее полиморфным у изученных генотипов оказался ген *HvGA20ox2*, для которого выявлено семь аминокислотных замен (шесть различных вариантов белка). Анализ нуклеотидной последовательности гена подтвердил наличие в пангеноме сортов с известными аллельными вариантами *sdw1.c* и *sdw1.d*, приводящими к короткостебельности (Tepliyakova et al., 2017; Xu et al., 2017). С аллелем *sdw1.c* было восемь образцов ячменя (Aizu 6, HOR 12184, HOR 13663, HOR 2180, HOR 3081, HOR 4224, HOR 495, Golden Melon). С аллелем *sdw1.d*, характеризующимся наличием функциональной делеции 7 п.н., было выявлено два образца (Barke и RGT Planet). Показано, что эта делеция приводит к сдвигу рамки считывания и укороченному полипептиду. Также обнаружено восемь образцов с описанным нами ранее аллелем *sdw1.ins* (Lukina et al., 2024), имеющим вставку в 5'-UTR транспозона размером 164 п.н. (на 92,07% гомологичен последовательности Thalos_2) – образцы HOR 10350, HOR 13594, HOR 13821, HOR 6220, HOR 2779, HOR 7385, HOR 8117, HOR 9043. Анализ белкового продукта гена у этих образцов позволил нам впервые выявить наличие четырех аминокислотных замен в последовательности полипептида гена *HvGA20ox2*. Кроме того, у семи других образцов обнаружен другой вариант этой инсерции размером 169 п.н., отличающейся от ранее описанной вставкой 5 п.н. и девятью SNPs. По аминокислотному составу генотипы с этой измененной вставкой в 5'-UTR области гена идентичны аллелю дикого типа.

In silico-анализ полиморфизма второго гена *HvBR11* позволил выявить наличие у образцов Akashinriki и Chikurin Ibaraki аллеля *uzul.a*, характеризующегося аминокислотной заменой 857H/R, приводящей к короткостебельному фенотипу. У пяти генотипов кодируемый полипептид имел N-концевую вставку 85 аминокислот – для них инициация транскрипции происходила раньше. Потребуется дополнительное изучение данных по этим образцам. Большинство образцов (46 из 53) имели последовательность полипептида дикого типа.

Для гена *HvDep1* большинство (50 из 53) образцов имели последовательность белка дикого типа, два образца (Golden Promise и Maximus) были с аллелем *ari-e.GP*, характеризующимся сдвигом рамки считывания и преждевременным стоп-кодоном (Wendt et al., 2016). Еще один образец HOR 2830C имел две аминокислотные замены.

Впервые *in silico* изучен полиморфизм гена *Sln1* – ортолога генов *Rht-B1* и *Rht-D1* мягкой пшеницы. Данные гены кодируют DELLA-белки, участвующие в процессах сигналинга гибберелловой кислоты (Peng et al., 1999). Для генов *Rht-B1* и *Rht-D1* в литературе (Li et al., 2013) описаны мутации, приводящие к преждевременным стоп-кодонам и укороченному N-концевому белку, а также несколько разных инсерций в 5'-UTR и в кодирующей области. У гена *Sln1* мы не обнаружили похожих мутаций, однако у образцов HOR 19184 и HOR 7172 выявлена инсерция, вызывающая сдвиг рамки считывания и образование сильно укороченного пептида всего в 16 аминокислот. Полученные результаты позволяют предположить, что последовательность гена *Sln1* ячменя более консервативная, чем у его ортологов мягкой пшеницы.

Выводы: Таким образом, в пангеноме ячменя нами изучены гены *HvGA20ox2*, *HvBR11* и *HvDep1*, аллели которых наиболее часто используют в селекции короткостебельных форм и новый для селекции ген *Sln1*. Для данных генов в пангеноме мы подтвердили наличие как существующих аллелей (*sdw1.c*, *sdw1.d*, *sdw1.ins*, *uzul.a*, *ari-e.GP*), так и выявили новые аллельные варианты, дальнейшее изучение которых может позволить расширить пул источников короткостебельности у ячменя.

Финансирование: Исследование поддержано проектом РНФ № 25-26-00341, <https://rscf.ru/project/25-26-00341/>.