

СЕКТОР ГЕНЕТИКИ ПШЕНИЦ



Гончаров Николай Петрович
чл.-корр. РАНХ,
заведующий сектором

Происхождение и эволюция видов рода *Triticum* L.

Проблема — построение естественной классификации живых существ, отражающей их филогенетическую историю. Тщательно и полно разработанные на основе родственных взаимоотношений классификации видов культурных растений важны для сбора, сохранения и оценки биоразнообразия; прогноза возможности успешной интрогрессии полезных признаков и генов из видов-сородичей, а также для сертификации сортов.

Установление происхождения полиплоидного генома пшениц и построение филогении видов рода *Triticum* на основе вариабельности хлоропластных и ядерных последовательностей.

На основании вариабельности нуклеотидных последовательностей:

- *Aegilops speltoides* следует выделить из секции *Sitopsis* в отдельную секцию.
- *Ae. speltoides* является наиболее вероятным донором плазмона и двух геномов (В и G) всех полиплоидных пшениц.

- донором А генома всех плоидных пшениц является представитель *Triticum urartu*.
- подтверждено происхождение культурной *T. monococcum* от дикой *T. boeoticum*.
- сделано предположение о возможности обмена генетической информацией между дикими диплоидными видами *T. urartu* и *T. boeoticum* в естественных условиях.

Установлены филогенетические взаимоотношения 39 различных видов

и подвидов пшениц, 6 видов *Aegilops*. Впервые на молекулярном уровне проанализировано 22 вида и подвида рода *Triticum*: их кластеризация с изученными ранее видами пшениц соответствует их геномным формулам.

Перспективы исследования: взаимоотношения внутри диплоидов *T. urartu*, *T. boeoticum* и *T. monococcum* и происхождение признаков, включенных в доместикацию у возделываемых видов.

Схема происхождения полиплоидных видов рода *Triticum* L.

