



О.Б. Добровольская*

Молекулярно-генетическое и физическое картирование генов, вовлеченных в контроль развития соцветия мягкой пшеницы и близкородственных видов

Выявление и изучение генов, вовлеченных в контроль развития колоса мягкой пшеницы и близкородственных видов и влияющих на морфологию колоса, позволяют расширить существующие представления о механизмах генетической регуляции развития соцветия злаков. Данные исследования представляют практический интерес, поскольку изменения морфологии колоса могут напрямую или косвенным образом влиять на продуктивность таких важных зерновых культур, как пшеница, рожь и ячмень.

Целью исследования является выявление, молекулярно-генетическое и физическое картирование генов мягкой пшеницы и ржи посевной, участвующих в контроле развития колоска, уникальной структуры колоса, характерной только для представителей семейства злаковых.

Материалом исследования послужили мутантные линии мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) и ржи посевной (*Secale cereale* L.) с измененной формой колоса, которая характеризуется наличием множества дополнительных колосков в устье колосового стержня (рис. 1).

Обнаружено, что признаки «многорядный колос» или MRS (multirow spike) мягкой пшеницы и «монстрозный колос» ржи характеризуются моногенным рецессивным типом наследования. Ген *mrs1* был картирован в хромосоме 2DS пшеницы с использованием микросателлитных маркеров и локализован в делеционном бине 2DS-5 (рис. 2, а, б). Ген *mo1* картирован в коротком плече хромосомы 2R ржи (рис. 2, в). Локусы генов *MRS1* и *Mo1* расположены в районах консервативной синтении хромосом второй гомеологической группы, что наряду со сходством фенотипов мутантов *mrs1* и *mo1* может свидетельствовать о том, что *MRS1* и *Mo1* являются ортологами.

С помощью COS (Conserved Orthologous Set)-SSCP (Single Strand Conformation Polymorphism) подхода и картирования *in silico* RFLP маркеров, фланкирующих ген *MRS1* на консенсусной карте хромосомы 2DS в геноме риса *Oryza sativa* L., который является модельным видом злаков, был определен район консервативной синтении в длинном плече хромосомы 7 риса. Обнаружено, что данный район содержит ген *FRIZZY PANICLE (FZP)*, мутация которого вызывает нарушение перехода от идентичности колосковых меристем к идентичности флоральных меристем. Мутанты *fzp* характеризуются сильно разветвленным соцветием и напоминают по фенотипу *mrs1* и *mo1*.

По гомологии с геном *FZP* риса были изолированы его гомологи из мягкой пшеницы, ржи посевной, культурного ячменя и диплоидных видов, доноров геномов А, В и D мягкой пшеницы. Показано, что гомологи *FZP* ржи, ячменя и видов *Aegilops* секции *Sitopsis* (предполагаемых доноров генома В мягкой пшеницы) локализованы в хромосомах второй гомеологической группы. Гомолог *FZP* был физически картирован в делеционном бине 2DS-5 хромосомы 2DS мягкой пшеницы и локализован на генетической карте 2DS дистально по отношению к микросателлитному локусу Xgwm30 и проксимально по отношению к локусу Xgwm484. Таким образом, локализация *FZP* и *MRS1* на генетической и физической картах совпадают, и гомолог *FZP* пшеницы можно считать геном-кандидатом гена *MRS1*. Клонирование гена-кандидата является необходимой предпосылкой для дальнейшего изучения функций данного гена.

Наряду с генами *Mrs1* и *Mo1* известны и другие гены пшеницы и близкородственных видов, мутации которых вызывают появление дополнительных колосков в уступах колосового стержня

и/или разветвление колосового стержня. Так, ген *bh* детерминирует признак «многоколосковость» у двух линий мягкой пшеницы (3492 и 1611), полученных независимо в результате химического мутагенеза. Наши исследования показали, что гены *mrs1* и *bh* данных линий не аллельны.

Дальнейшие молекулярно-генетические исследования на материале мягкой пшеницы разного происхождения с аномалиями в развитии колоска позволят выявить новые гены и/или аллели генов, вовлеченные в контроль развития колоса на стадии формирования колосков.



Рис. 1. «Многорядный» колос мягкой пшеницы (а) и «монстрозный» колос ржи посевной (б).

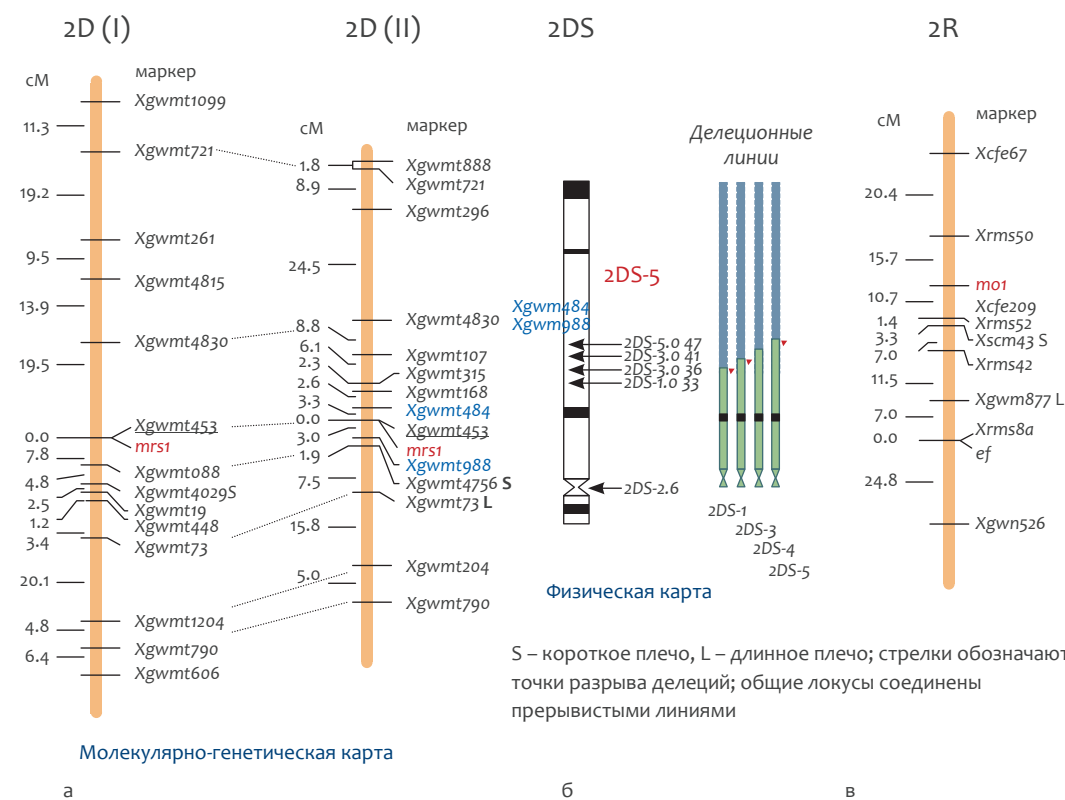


Рис. 2. Молекулярно-генетическое (а, в) и физическое (б) картирование генов *mrs1* мягкой пшеницы (а, б) и *mo1* ржи посевной (в). Результаты получены на двух картирующих F₂ популяциях мягкой пшеницы, I и II, и картирующей F₂ популяции ржи.