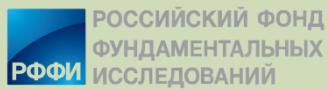
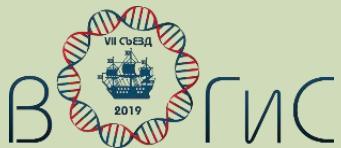




125 лет



20-21 June 2019
Saint-Petersburg

Ассоциированная конференция
международного конгресса «VII Съезд ВОГиС»
Associated conference of the International Congress
«VII Meeting of VSoGB»

Международная конференция «Хлеба будущего: геномика, генетика, селекция»

в ознаменование 125-летия Федерального
исследовательского центра Всероссийского института
генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова (ВИР)

International Conference “Breads of the future: genomics, genetics, breeding”

devoted to 125 years of Federal Research Center the N. I. Vavilov
All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR)

СБОРНИК ТЕЗИСОВ
BOOK OF ABSTRACTS



**Международная
конференция
«Хлеба будущего:
геномика, генетика,
селекция»
в ознаменование 125-летия
Федерального исследовательского
центра Всероссийского института
генетических ресурсов растений
имени Н. И. Вавилова (ВИР)**

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

В сборнике тезисов Конференции представлены материалы устных выступлений приглашенных и ассоциированных докладчиков, докладов участников, одобренных программным комитетом, публикуемые в авторской редакции

Научное электронное издание

УДК 575.1/2

DOI 10.30901/978-5-905954-99-3

ISBN 978-5-905954-99-3

Электрон. текстовые дан. (152 стр. 4 МБ).
Подписано к изданию 15.06.2019 г.
Систем. требования: IBM PC;
Acrobat Reader 3.0 и выше.

*Мероприятие проводится при
финансовой поддержке Российского
фонда фундаментальных исследований
(проект №19-016-20007)*

© Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических
ресурсов растений им. Н.И. Вавилова
190000, Санкт-Петербург, ул. Большая
Морская, 42, 44; Тел: +7 (812) 312-51-61,
e-mail: secretary@vir.nw.ru

© Коллектив авторов

**International
Conference
“Breads of the future:
genomics, genetics,
breeding”**

*devoted to 125 years of Federal
Research Center the N. I. Vavilov All-
Russian Institute of Plant Genetic
Resources (VIR)*

BOOK OF ABSTRACTS

Book of abstracts of the Conference contains materials of personal presentations of invited and associate speakers, reports of participants approved by the program committee, published in author's edition

Electronic scientific edition

Electronic data (152 p., 4 MB).
Signed for publication on June 15, 2019.
Minimal system requirements: IBM PC;
Acrobat Reader 3.0 and later.

*Conference is supported by the Russian Fund
for Basic Research (grant №19-016-20007)*

© Federal Research Center the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources
190000, St. Petersburg, ul. Bolshaya Morskaya, 42, 44; Tel: +7 (812) 312-51-61,
e-mail: secretary@vir.nw.ru

© Authors

СОДЕРЖАНИЕ

Пленарные сессии конференции Conference plenary sessions

Беспалова Л.А.

ИНДУСТРИАЛЬНАЯ СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ: РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ.....13

Börner A., Nagel M., Agacka-Mołdoch M., Börner M., Lohwasser U., Riewe D., Altmann T., Pshenichnikova T.A, Khlestkina E.

GENEBANK COLLECTIONS - THE GENETIC BASIS FOR PLANT BREEDING AND RESEARCH.....14

Peter Langridge

GLOBAL VISION FOR BREAD WHEAT RESEARCH.....15

Сессия 1 Изучение и использование генетических ресурсов

Session I Evaluation and use of genetic resources

Лоскутов И.Г.

НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР.....16

Tal Dahan-Meir, Hanan Sela, Cathy Melamed-Bessudo, Naomi Avivi-Ragolsky, Amir Raz, Moshe Feldman, Yehoshua Anikster, Avraham A. Levy

SPATIAL AND TEMPORAL ADAPTATION OF A WILD EMMER WHEAT POPULATION UNDER CLIMATE CHANGE – A CASE STUDY FOR IN SITU CONSERVATION.....18

Royo C., Soriano J.M., Villegas D.

NEW INSIGHTS ON THE ADAPTATION OF OLD DURUM WHEAT RESULTING FROM ITS MIGRATION ACROSS THE MEDITERRANEAN BASIN.....19

Сессия 2 Геномика

Session II Genomics

Marco Maccaferri, Neil S. Harris, Sven O. Twardziok, Raj K. Pasam, Heidrun Gundlach, Manuel Spannag, Danara Ormanbekova, Thomas Lux, Verena Prade, Sara G. Milner, Axel Himmelbach, Martin Mascher, Paolo Bagnaresi, Primetta Faccioli, Paolo Cozzi, Massimiliano Lauria, Barbara Lazzari, Alessandra Stella, Andrea Manconi, Matteo Gnocchi, Marco Moscatelli, Raz Avni, Jasline Deek, Sezgi Biyiklioglu, Elisabetta Frascaroli, Simona Corneti, Silvio Salvi, Gabriella Sonnante, Francesca Desiderio, Caterina Marè, Cristina Crosatti, Erica Mica, Hakan Ozkan, Benjamin Kilian, Pasquale De Vita, Daniela Marone, Reem Joukhadar, Elisabetta Mazzucotelli, Domenica Nigro, Agata Gadaleta, Shiaoman Chao, Justin D. Faris, Arthur T. O. Melo, Mike Pumphrey, Nicola Pecchioni, Luciano Milanesi, Krysta Wiebe, Jennifer Ens, Ron P. MacLachlan, John M. Clarke, Andrew G. Sharpe, Chu Shin Koh, Kevin Y. H. Liang, Gregory J. Taylor, Ron Knox, Hikmet Budak, Anna M. Mastrangelo, Steven S. Xu, Nils Stein, Iago Hale, Assaf Distelfeld, Matthew J. Hayden, Roberto Tuberrosa, Sean Walkowiak, Klaus F. X. Mayer, Aldo Ceriotti, Curtis J. Pozniak, Luigi Cattivelli

DURUM WHEAT GENOME REVEALS THE SIGNATURE OF 10 000 YEARS OF SELECTION.....	20
--	----

Сессия 3 Потенциал урожайности и эффективное использование генетических ресурсов
Session III Yield potential and efficient use of genetic resources

Le Gouis J., Mini A., Bouchet S., Paux E., Lafarge S., Derory J., Balfourier F.	
SELECTION AND CHARACTERIZATION OF A WINTER WHEAT DIVERSITY PANEL.....	21

Neumann K., Grieco M., Zhao Y., Chu J., Dhanagond S., Reif J., Graner A.	
NON-INVASIVE PHENOTYPING REVEALS STRESS-ADAPTIVE AND CONSTITUTIVE BIOVASS QTL IN CEREALS.....	23

Пшеничникова Т.А.	
ЧУЖЕРОДНЫЕ ИНТРОГРЕССИИ У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ: РАСШИРЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ ЭКОНОМИЧЕСКИ ВАЖНЫХ ПРИЗНАКОВ.....	24

Сессия 4 Улучшение устойчивости к факторам биотического и абиотического стресса
Session IV Improving of resistance to biotic and abiotic stress

Frank Ordon	
BREEDING FOR RESISTANCE – CORNERSTONE FOR FUTURE CEREAL PRODUCTION.....	25

Keller B., Krattinger S., Kolodziej M., Wicker T., Sanchez-Martin J.	
MOLECULAR ANALYSIS OF FUNCTION AND DIVERSITY OF WHEAT DISEASE RESISTANCE IN THE AGE OF (PAN-)GENOMICS.....	26

Maccaferri M., Ormanbekova D., K. Pasam R.K., Mastrangelo A.M., Mazzucotelli E., Kilian B., Ozkan H., Pecchioni N., Pozniak C., Xu S., Hayden M., Cattivelli L., Tuberosa R.	
THE TETRAPLOID WHEAT GERMPLASM COLLECTION (TGC) UNCOVERS VALUABLE DIVERSITY IN TETRAPLOID WHEAT.....	28

Афанасенко О.С.	
ЭФФЕКТИВНЫЕ КОМБИНАЦИИ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ СОРТОВ ЯЧМЕНЯ С ДЛИТЕЛЬНОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ К PYRENOPHORA TERES F. TERES.....	30

Краткие выступления молодых ученых
Elevator Pitch for young scientists

Абдуллаев Р.А., Лебедева Т.В., Алпатьева Н.В., Чумаков М.А., Косарева И.А., Радченко Е.Е.	
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЯЧМЕНЯ ИЗ ЭФИОПИИ ПО АДАПТИВНО ВАЖНЫМ ПРИЗНАКАМ.....	31

Gavrilova O.P., Gagkaeva T.Yu., Orina A.S., Blinova E.V., Loskutov I.G.	
THE STUDY OF FUNGAL INFECTION AND MYCOTOXINS IN GRAIN OF WILD AVENA SPECIES FROM VIR COLLECTION.....	32

Глаголева А.Ю., Шмаков Н.А., Мурсалимов С.Р., Хлесткина Е.К., Шоева О.Ю. ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ ЛОКУСА <i>Blp</i> , КОНТРОЛИРУЮЩЕГО ФОРМИРОВАНИЕ ПРИЗНАКА ЧЁРНОЙ ОКРАСКИ КОЛОСА ЯЧМЕНИ (<i>HORDEUM VULGARE L.</i>).....	33
Кырова Е.И., Игнатов А.Н. ПРОБЛЕМЫ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЛАКОВЫХ КУЛЬТУР К НОВОМУ БАКТЕРИАЛЬНОМУ ПАТОГЕНУ ВИДА <i>XANTHOMONAS ARBORICOLA</i>	34
Логинова Д.Б., Силкова О.Г. ИЗУЧЕНИЕ ОРГАНИЗАЦИИ ПРОФАЗНОГО ЯДРА У ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ГИБРИДОВ (ABDR, 4X=28) С РАЗЛИЧНЫМ ПАТТЕРНОМ МЕЙОТИЧЕСКОГО ДЕЛЕНИЯ.....	35
Чуманова Е.В., Ефремова Т.Т., Кручинина Ю.В. ИЗУЧЕНИЕ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО ОЗИМОМУ СОРТУ БЕЗОСТАЯ 1 С КОМБИНАЦИЕЙ ДОМИНАНТНЫХ АЛЛЕЛЕЙ ЛОКУСОВ <i>VRN-1</i>	36
Сессия 5 Качество и безопасность зерна всех направлений использования Session V High quality and safe cereals for food, feed and processing use	
Abugalieva A.I., Savin T.V. SCREENING OF GRAIN CROPS IN THE SEARCH AND BREEDING OF RAW MATERIALS FOR FUNCTIONAL NUTRITION.....	37
Shoeva O.Yu., Gordeeva E.I., Kukoeva T.V., Strygina K.V., Vikhorev A.V., Glagoleva A.Yu., Shmakov N.A., Levanova N.M., Mursalimov S.R., Yudina R.S., Börner A., Khlestkina E.K. STUDYING OF THE MOLECULAR-GENETIC CONTROL OF POLYPHENOLIC PIGMENTATION IN WHEAT AND BARLEY AS A BASIS FOR BREEDING ANTIOXIDANT- RICH CEREALS.....	38
Сессия 6 Молекулярная и геномная селекция зерновых культур Session VI Molecular Breeding and Genomic selection of small grains	
Sorrells, M.E. PLANT BREEDING IN THE 21 ST CENTURY: MOLECULAR BREEDING AND HIGH THROUGHPUT PHENOTYPING.....	39
Miedaner T., Wilde, P., Korzun, V. GENOMICS-BASED BREEDING OF HYBRID RYE (<i>SECALE CEREALE</i>).....	40
В.Н. Корзун ГЕНОМИКА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ СЕЛЕКЦИЯ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР.....	41
Сессия 7 Будущие вызовы и инновации Session VII Future challenges and innovations	
Reif J.C. THE GENETIC ARCHITECTURE OF GRAIN-YEALD HETEROSESIS IN WHEAT.....	42

Hickey L.T., Watson A., Ghosh S., Hayes B., Voss-Fels K., Godwin I.D., Wulff B.B.H.	
SPEED BREEDING: A POWERFUL TOOL TO ACCELERATE WHEAT RESEARCH AND BREEDING.....	43

Сессия 8 Крупные проекты сотрудничества на национальном и международном уровнях
Session VIII National and International large collaborative projects

Rajeev K. Varshney	
TRANSLATIONAL GENOMICS FOR CROP IMPROVEMENT: EXPERIENCES AT ICRISAT.....	44

Paux E. (on behalf of the BreedWheat Consortium)	
BREEDWHEAT: BREEDING FOR SUSTAINABLE WHEAT VARIETIES, AN INTERGRATED PROJECT FROM GENOMICS TO SELECTION.....	45

Turuspekov Y., Amalova A., Genievskaya Y., Abdikhalyk A., Babkenov A., Rsaliyev A., Abugalieva S.	
MARKER-TRAIT ASSOCIATIONS IN SPRING WHEAT GENETIC PANELS STUDIED IN KAZAKHSTAN.....	46

Тезисы конференции
Conference abstracts

Абделькави Р.Н.Ф.	
РЕЗУЛЬТАТЫ ИЗУЧЕНИЯ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ ПО УРОЖАЙНОСТИ И КАЧЕСТВУ ЗЕРНА.....	48

Аблова И.Б., Тархов, А.С., Беспалова Л.А., Боровик А.Н.	
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИВЕРГЕНЦИЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ФУЗАРИОЗУ КОЛОСА У СОРТОВ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ, СОЗДАННЫХ В НАЦИОНАЛЬНОМ ЦЕНТРЕ ЗЕРНА ИМ. П.П. ЛУКЬЯНЕНКО.....	49

Абугалиева А.И.	
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ В СОЗДАНИИ АДАПТИВНЫХ СОРТОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ОДНОРОДНОСТЬЮ И СВОЙСТВАМИ СЫРЬЯ КОНКРЕТНОГО ТИПА ПЕРЕРАБОТКИ.....	51

Агаева Е.В., Беспалова Л.А., Давоян Э.Р., Агаев Р.А	
ЭФФЕКТИВНОСТЬ МОЛЕКУЛЯРНОГО ОТБОРА ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ.....	52

Акинина В.Н., Хомякова О.В., Дьячук Т.И., Поминов А.В., Кибкало И.А.	
ОПТИМИЗАЦИЯ ГАПЛОИДНОЙ БИОТЕХНОЛОГИИ ТРИТИКАЛЕ	53

Аксенов А.В., Костылев П.И., Краснова Е.В.	
СОЗДАНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ РИСА.....	54

Андреева Е.А., Зыкин П.А., Лыхолай А.Н., Войлоков А.В.	
ЛОКАЛИЗАЦИЯ И СОСТАВ АНТОЦИАНОВ В ЗЕРНОВКАХ РЖИ С РАЗНОЙ ОКРАСКОЙ.....	55

Афонников Д.А., Дорошков А.В., Генаев М.А., Симонов А.В., Осипова С.В., Пермяков А.В., Пермякова М.Д., Ефимов В.М., Пшеничникова Т.А.	
ОПУШЕНИЕ ЛИСТА ПШЕНИЦЫ: ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОЕ ФЕНОТИПИРОВАНИЕ, ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ И ФИЗИОЛОГИЧЕСКАЯ РОЛЬ.....	56
Белан И.А., Россеева Л.П., Блохина Н.П., Немченко В.В., Абакумов С.Н., Кадиков Р.К., Трубачеева Н.В., Осадчая Т.С., Першина Л.А.	
НАПРАВЛЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ.....	58
Беляченко Ю.А., Полуконова Н.В., Тырнов В.С., Наволокин Н.А., Кондратьева К.Р., Барбарян А.М., Рогожин В.В., Смолькина Ю.В., Пархоменко А.С., Дурнова Н.А., Усанов Д.А.	
АНТОЦИАНОВЫЕ ФОРМЫ КУКУРУЗЫ КАК ИСТОЧНИК ПОЛУЧЕНИЯ КОМПОЗИЦИИ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ И НАТУРАЛЬНОГО КРАСИТЕЛЯ.....	59
Боровик А.Н., Беспалова Л.А., Мирошниченко Т.Ю.	
СЕЛЕКЦИЯ ТРИТИКАЛЕ СФЕРОКОККУМ (<i>TRITICALE SPHAEROCOCCUM</i>) ХЛЕБОПЕКАРНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ.....	61
Брагин Р.Н., Филиппов Е.Г., Донцова А.А.	
ОЦЕНКА ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ПЛАСТИЧНОСТИ И СТАБИЛЬНОСТИ СОРТОВ ЯРОВОГО ЯЧМЕНЯ МЕЖСТАНЦИОННОГО СОРТОИСПЫТАНИЯ.....	62
Бурханова Г.Ф., Веселова С.В., Нужная Т.В.	
РОЛЬ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ SNN3/TOX3 В РАЗВИТИИ РЕАКЦИИ СОВМЕСТИМОСТИ С УЧАСТИЕМ ЭТИЛЕНА В ПАТОСИСТЕМЕ <i>TRITICUM SP.- STAGNOSPORA NODORUM</i>.....	63
Василова Н.З., Асхадуллин Д-л.Ф., Асхадуллин Д-р. Ф., Зуев Е.В.	
ИСТОЧНИКИ ПОЛЕВОЙ УСТОЙЧИВОСТИ У НЕКОТОРЫХ ВИДОВ ПШЕНИЦЫ К НАИБОЛЕЕ РАСПРОСТРАНЕННЫМ БОЛЕЗНЯМ В ТАТАРСТАНЕ.....	64
Веселов Д.С., Кудоярова Г.Р.	
ДЕФИЦИТНЫЙ ПО АБК МУТАНТ ЯЧМЕНЯ КАК ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ВОДНОГО ОБМЕНА РАСТЕНИЙ И ВЫЯВЛЕНИЯ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЗАСУХОУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ.....	66
Веселова С.В., Бурханова Г.Ф., Нужная Т.В.	
ОСОБЕННОСТИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ГЕНОВ ВОСПРИИМЧИВОСТИ SNN И ГЕНОВ ЭФФЕКТОРОВ TOX В ПАТОСИСТЕМЕ <i>TRITICUM AESTIVUM - STAGNOSPORA NODORUM</i>.....	67
Вихорев А.В., Стрыгина К.В., Хлесткина Е.К.	
ГЕН F3'5'Н-1 ЯЧМЕНЯ КАК МИШЕНЬ ДЛЯ РЕДАКТИРОВАНИЯ.....	68
Войлоков А.В., Цветкова Н.В., Хакауф Б.	
ВЫБОР ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ ДЛЯ МУТАЦИЙ БЕЗАНТОЦИАНОВОСТИ У РЖИ НА ОСНОВЕ СРАВНИТЕЛЬНОГО КАРТИРОВАНИЯ.....	69

Волохина И.В., Моисеева Е.М., Гуторова О.В., Гусев Ю.С., М.И. Чумаков АНАЛИЗ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ РАЗВИТИЯ ЗАРОДЫША, У ПАРТЕНОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЛИНИИ КУКУРУЗЫ.....	70
Глаголева А.Ю., Гордеева Е.И., Захарова О.В., Юдина Р.С., Шоева О.Ю., Хлесткина Е.К. РОЛЬ ГЕНОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ СИНТЕЗ ПОЛИФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ, В СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТИ ЯЧМЕНИ И ПШЕНИЦЫ: ИССЛЕДОВАНИЯ НА МОДЕЛЯХ ПОЧТИ-ИЗОГЕННЫХ ЛИНИЙ.....	72
Гончаров Н.П. ДОМЕСТИКАЦИЯ, БИОРАЗНООБРАЗИЕ И АРХИТЕКТОНИКА ПШЕНИЦ.....	73
Гордеева Е.И., Генералова Г.В., Усенко Н.И., Стабровская О.И., Шарфунова И.Б., Отмахова Ю.С., Хлесткина Е.К. ОБОГАЩЕНИЕ ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ АНТОЦИАНАМИ ЗА СЧЕТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ НОВЫХ ФОРМ ПШЕНИЦЫ С ПОВЫШЕННЫМ СОДЕРЖАНИЕМ АНТОЦИАНОВ.....	74
Гордеева Е.И., Генералова Г.В., Щукина Л.В., Юдина Р.С., Шоева О.Ю., Хлесткина Е.К. СОЗДАНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ ИЗОГЕННЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С РАЗЛИЧНЫМ СОДЕРЖАНИЕМ АНТОЦИАНОВ В ЗЕРНЕ.....	75
Гордей И.А., Гриб С.И., Люсиков О.М., Буштевич В.Н., Гордей И.С. СОЗДАНИЕ НОВОГО ТИПА РЖАНО-ПШЕНИЧНЫХ АМФИДИПЛОИДОВ С ЦИТОПЛАЗМОЙ РЖИ – СЕКАЛОТРИТИКУМ.....	76
Грабовец А.И., Фоменко М.А., ОСОБЕННОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОАДАПТАЦИИ ПРИ СЕЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ УСИЛЕНИЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ КЛИМАТА.....	77
Громова С.Н. ЗАВИСИМОСТЬ УРОЖАЙНОСТИ ОТ РАЗМЕРА ФЛАГОВЫХ ЛИСТЬЕВ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СЕЛЕКЦИИ «АНЦ «ДОНСКОЙ»	79
Груздев И.В., Пырсиков А.С., Гарибян Ц.С., Коленков М.А. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНА <i>Lr19</i> В ОБРАЗЦАХ КОЛЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ.....	80
Гультьяева Е.И. СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ В РОССИИ.....	81
Давоян Р. О., Бебякина И. В.. Давоян Э. Р., Миков Д. С., Зубанова Ю. С., Болдаков Д. М., Зинченко А. С., Бадаева Е. К., Салина Е. А. СОЗДАНИЕ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКИХ ФОРМ ДЛЯ РАСШИРЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА ОСНОВЕ ГЕНОФОНДА ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ.....	82

Давоян Э.Р., Беспалова Л.А., Давоян Р.О., Болдаков Д.М., Зубанова Ю.С., Миков Д.С., Агаева Е.В., Филобок В.А.	
СОЗДАНИЕ ЦЕННОГО ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ПРИМЕНЕНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ MAS.....	
83	
Дивашук М.Г.	
МЕЖЛОКУСНОЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ГЕНОВ НИЗКОСТЕБЕЛЬНОСТИ ПШЕНИЦЫ И РЖИ В ГЕНОМЕ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ.....	
84	
Долматович Т.В., Гриб С.И., Булойчик А.А., Лемеш В.А., Буштевич В.Н.	
ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТОВ МЯГКОЙ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ ПО АЛЛЕЛЯМ ГЕНОВ ПУРОИНДОЛИНОВ <i>Pina</i> и <i>Pinb</i>.....	
86	
Ефремова Т.Т., Чуманова Е.В.	
ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОНТРОЛЯ ПРИЗНАКОВ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ АДАПТАЦИЮ И УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕССАМ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ГЕНЕТИЧЕСКИ МАРКИРОВАННЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ.....	
87	
Зеленский Г.Л., Зеленская О.В.	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ СОРТОВ РИСА НА ПОВЫШЕНИЕ ПРОДУКТИВНОСТИ И УСТОЙЧИВОСТИ К СТРЕССОВЫМ ФАКТОРАМ СРЕДЫ.....	
88	
Зубкович А.А., Давыденко О.Г., Луханина Н.В.: Шимкевич А.М.: Зубкович Н.В. Марчук О.В.	
ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ АЛЛЕЛЕЙ <i>Sd2H</i> и <i>Sd3</i> ГЕНА <i>Bmyl</i> ВЫСОКОТЕРМОСТАБИЛЬНОЙ β-АМИЛАЗЫ НА ПОКАЗАТЕЛИ КАЧЕСТВА ЯЧМЕНИ ПИВОВАРЕННОГО.....	
89	
Каменева А.С.	
ИЗУЧЕНИЕ СОРТОВ И ЛИНИЙ ОЗИМОЙ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ КОНКУРСНОГО СОРТОИСПЫТАНИЯ В «АНЦ «ДОНСКОЙ».....	
91	
Киселёва А.А., Салина Е.А.	
НОВЫЕ АСПЕКТЫ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНА <i>PPD-B1</i> МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ЕГО ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ.....	
92	
Кобылянский В.Д., Солодухина О.В.	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ СОРТОВ УНИВЕРСАЛЬНОЙ РЖИ С НИЗКИМ СОДЕРЖАНИЕМ ВОДОРАСТВОРИМЫХ АРАБИНОКСИЛАНОВ, ЗЕРНО КОТОРЫХ ПРИГОДНО ДЛЯ ЗЕРНОФУРАЖНОЙ И ХЛЕБОПЕКАРНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ.....	
93	
Ковтуненко В.Я., Панченко В.В., Калмыш А.П.	
ИСТОЧНИКИ ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ В СЕЛЕКЦИИ ТРИТИКАЛЕ НЦЗ ИМ.П.П. ЛУКЬЯНЕНКО.....	
94	
Колесова М.А., Сидоров А.В., Тырышкин Л.Г., Белоусова М.Х., Бекиш Л.П., Чикида Н.Н.	
ХАРАКТЕРИСТИКА ОБРАЗЦОВ <i>AEGILOPS TAUSCHII</i> И <i>AEGILOPS UMBELLULATA</i> НОВЫХ ПОСТУПЛЕНИЙ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ПО ЭФФЕКТИВНОЙ ЮВЕНИЛЬНОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ И НАЛИЧИЮ ИЗВЕСТНЫХ ГЕНОВ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНОСТИ.....	
95	

Короткова А.М., Герасимова С.В., Кукоева Т.В., Хлесткина Е.К. ИССЛЕДОВАНИЕ РЕГЕНЕРАЦИОННОГО ПОТЕНЦИАЛА СОРТОВ ЯЧМЕНЯ.....	96
Костылев П.И., Краснова Е.В., Аксенов А.В. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА.....	98
Краснова Е.В., Костылев П.И., Аксенов А.В. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ КОЛЛЕКЦИИ РИСА.....	99
Кудряшов И.Н., Пономарев Д.А., Лысак Н.И., Беспалова Л.А. ОПЫТ АГРОЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ПАСПОРТИЗАЦИИ СОРТОВ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ В НАЦИОНАЛЬНОМ ЦЕНТРЕ ЗЕРНА ИМЕНИ П.П.ЛУКЬЯНЕНКО.....	100
Кукоева Т.В., Генералова Г.В., Стрыгина К.В., Григорьев Ю.Н., Яковлев М.А., Глаголева А.Ю., Хлесткина Е.К. МАРКЕР-КОНТРОЛИРУЕМОЕ ПОЛУЧЕНИЕ ФОРМ ЯЧМЕНЯ С АНТОЦИАНОВОЙ ОКРАСКОЙ ЗЕРНА.....	101
Леванова Н.М., Глаголева А.Ю., Кукоева Т.В., Хлесткина Е.К., Шоева О.Ю. СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА ПОЛИФЕНОЛОКСИДАЗ ЯЧМЕНЯ (<i>HORDEUM VULGARE L.</i>) В КОНТЕКСТЕ ФОРМИРОВНИЯ ПРИЗНАКА ЧЕРНОЙ ПИГМЕНТАЦИИ КОЛОСА.....	102
Леонова И.Н., Орлова Е.А., Сколовцева Е.С., Орловская О.А. ПОИСК НОВЫХ ИСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЛИСТОСТЕБЕЛЬНЫМ ИНФЕКЦИЯМ В КОЛЛЕКЦИИ ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (<i>T. AESTIVUM L.</i>) С ГЕНЕТИЧЕСКИМ МАТЕРИАЛОМ ТРИБЫ TRITICEAE.....	104
Логинова Д.Б., Иванова Ю.Н., Соловей Л.М., Бондаревич Е.Б., Сычева Е.А., Дубовец Н.И., Силкова О.Г. ФОРМИРОВАНИЕ ГЕНОМОВ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ГИБРИДОВ 1Rv(1A) × R F₅ ПОКОЛЕНИЯ.....	105
Мельникова Е.Е., Беспалова Л.А., Букреева Г.И., Новиков А.В., Агаев Р.А., Кузилова Н.М. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ В СЕМЕНОВОДСТВЕ.....	106
Мельникова Е.Е., Букреева Г.И., Беспалова Л.А., Жук О.А. АЛЛЕЛЬНОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ГЛИАДИНКОДИРУЮЩИХ ЛОКУСОВ ХРОМОСОМ ПЕРВОЙ ГОМЕОЛОГИЧЕСКОЙ ГРУППЫ В СЕЛЕКЦИОННОМ МАТЕРИАЛЕ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НЦЗ ИМ. П.П. ЛУКЬЯНЕНКО.....	107
Мирская Г.В., Рушина Н.А., Фатеев Д.А., Чесноков Ю.В. МАРКЕР-ВСПОМОГАТЕЛЬНОЕ ПОЛУЧЕНИЕ СКОРОСПЕЛЫХ ГИБРИДОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (<i>TRITICUM AESTIVUM L.</i>).....	108
Митрофанова О.П., Хакимова А.Г., Пюккенен В.П., Лысенко Н.С., Дементьев А.В. ПРЕДСЕЛЕКЦИОННОЕ ИЗУЧЕНИЕ КОЛЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ ВИР: РОЛЬ В СОВРЕМЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ.....	110

Мудрова А.А., Яновский А.С., Беспалова Л.А.	
СЕЛЕКЦИЯ ЯРОВОГО И ОЗИМОГО ТИПА РАЗВИТИЯ <i>TRITICUM DICOCCEUM (SCHRANKE) SCHUEBL</i>.....	111
Орловская О.А., Яцевич К.К., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. МОЛЕКУЛЯРНАЯ СТРУКТУРА ВЫСОКОМОЛЕКУЛЯРНЫХ СУБЪЕДИНИЦ ГЛЮТЕНИНА <i>T. DICOCCOIDES</i>.....	112
Першина Л.А., Трубачеева Н.В., Осадчая Т.С., Белова Л.И., Кравцова Л.А., Белан И.А., Россеева Л.П.	
ЗАМЕЩЕНИЕ ЦИТОПЛАЗМЫ – СТРАТЕГИЯ К УВЕЛИЧЕНИЮ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ.....	113
Пономарев С.Н., Пономарева М.Л., Маннапова Г.С., Гильмуллина Л.Ф., Фомин С.И., Илалова Л.В. СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ ТРИТИКАЛЕ В СРЕДНЕМ ПОВОЛЖЬЕ.....	115
Пономарев С.Н., Пономарева М.Л., Маннапова Г.С., Гильмуллина Л.Ф., Горшкова Т.А., Козлова Л.В., Горшков О.В., Мокшина Н.Е., Назипова А.Р.	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И СЕЛЕКЦИОННЫЕ ПОДХОДЫ К ОЦЕНКЕ СОДЕРЖАНИЯ И СТРУКТУРЫ АРАБИНОКСИЛАНОВ ОЗИМОЙ РЖИ.....	116
Пономарева М.Л., Пономарев С.Н.	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СЕЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ РЖИ В РОССИИ.....	117
Пономарева М.Л., Пономарев С.Н.	
РАЗВИТИЕ СЕЛЕКЦИОННЫХ СТРАТЕГИЙ ОЗИМОЙ РЖИ: ОТ МАССОВОГО ОТБОРА ДО ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ.....	118
Пузырная О.Ю., Беспалова Л.А., Агаева Е.В., Набоков Г.Д., Новиков А.В., Тархов И.С. ОТДАЛЕННАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ В СОЗДАНИИ УЛЬТРАСКОРОСПЕЛЬНЫХ ФОРМ ПШЕНИЦЫ.....	119
Радченко Е.Е.	
ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР К НАСЕКОМЫМ.....	120
Розанова И.В., Лашина Н.М., Ефимов В.М., Афанасенко О.С., Хлесткина Е.К. ВЫЯВЛЕНИЕ ЛОКУСОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ УСТОЙЧИВОСТЬ ЯРОВОГО ЯЧМЕНИЯ К ТЕМНО-БУРОЙ ПЯТНИСТОСТИ, НА ОСНОВЕ АССОЦИАТИВНОГО КАРТИРОВАНИЯ.....	121
Салина Е.А.	
СЕКВЕНИРОВАНИЕ ГЕНОМА ПШЕНИЦЫ - НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ.....	122

Сибикеев С.Н., Дружин А.Е., Баранова О.А., Гульяева Е.И. ПРОДУКТИВНОСТЬ И КАЧЕСТВО ЗЕРНА У ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СЕЛЕКЦИИ НИИСХ ЮГО-ВОСТОКА.....	123
Синявская М.Г., Макаревич А.Е., Панкратов В.С., Луханина Н.В., Голоенко И.М., Левданский О.Д., Шимкевич А.М., Даниленко Н.Г., Давыденко О.Г. ВНУТРИВИДОВАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ГЕНОМОВ ОРГАНЕЛЛ ЯЧМЕНИ (<i>HORDEUM VULGARE L.</i>) НА ПРИМЕРЕ КОЛЛЕКЦИИ АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ.....	124
Сmekalova T.N., Kobylanskiy V.D. НЕКОТОРЫЕ АСПЕКТЫ СИСТЕМАТИКИ ГОЛОЗЕРНОЙ ПОЛBY (<i>TRITICUM DICOCCEUM (SCHRANK) SCHUEBL</i>).....	125
Стасюк А.И., Леонова И.Н., Салина Е.А. ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ ТРАНЛОКАЦИЙ ОТ <i>AEGILOPS SPELTOIDES TAUSCH</i> НА ЗИМОСТОЙКОСТЬ И УСТОЙЧИВОСТЬ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ У ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ.....	126
Стрыгина К.В., Хлесткина Е.К. РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ДУПЛИЦИРОВАННЫХ ГЕНОВ БИОСИНТЕЗА ФЛАВОНОИДОВ У ВИДОВ ТРИБЫ TRITICEAE.....	127
Супрунов А.И., Парпуренко Н.В., Терещенко А.А. СЕЛЕКЦИЯ ГИБРИДОВ КУКУРУЗЫ РАЗЛИЧНЫХ ГРУПП СПЕЛОСТИ С БЫСТРОЙ ОТДАЧЕЙ ВЛАГИ ЗЕРНОМ ПРИ СОЗРЕВАНИИ.....	128
Сычева Е.А., Дробот Н.И., Дубовец Н.И. ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ В БЕЛАРУСИ СОРТОВ ОВСА ПОСЕВНОГО С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SSR-МАРКЕРОВ.....	129
Трубачеева Н.В., Першина Л.А. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ПРИ СОЗДАНИИ НОВЫХ ГЕНОТИПОВ <i>T.AESTIVUM</i> НА ОСНОВЕ ГИБРИДИЗАЦИИ С ВИДАМИ ЯЧМЕНИ <i>H. VULGARE</i> И <i>H.MARINUM</i> SSP. <i>GUSSONEANUM</i>.....	130
Турбаев А.Ж., Милюкова Н.А., Дудников М.В., Ермоленко О.И., Соловьев А.А. РАСПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ Glu-A1 И Glu- B1 У ОБРАЗЦОВ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ.....	131
Черноок А.Г., Кручин П.Ю., Карлов Г.И., Диващук М.Г. СОВМЕСТНОЕ ПРОЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ DDW1 И VRN-A1 В ГЕНОМЕ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ В УСЛОВИЯХ ПОЛЕВОГО ОПЫТА.....	132
Шаманин В.П., Потоцкая И.В., Шепелев С.С., Пожерукова В.Е., Трушченко А.Ю., Чурсин А.С., Моргунов А.И. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СИНТЕТИЧЕСКИХ ГЕКСАПЛОИДОВ С ГЕНОМОМ AE. <i>TAUSCHII</i> (AABBDD) И СОРТОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ.....	134

Шмаков Н. А., Глаголева А.Ю., Афонников Д.А., Хлёсткина Е.К. ИССЛЕДОВАНИЕ ЧАСТИЧНОГО АЛЬБИНИЗМА ЯЧМЕНЯ С ПОЗИЦИИ ТРАНСКРИПТОМИКИ.....	136
Щукина Л.В., Симонов А.В., Пшеничникова Т.А., Шаманин В.П. СОЗДАНИЕ, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ И ФЕНОТИПИРОВАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ ИНТРОГРЕССИРОВАННЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ВЫСOKИМ СОДЕРЖАНИЕМ КЛЕЙКОВИНЫ В ЗЕРНЕ.....	137
Юдина Р.С., Захарова О.В., Гордеева Е.И. АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ В ПЛОДАХ ПЕРЦА И ЗЕРНЕ ПШЕНИЦЫ, ОБЛАДАЮЩИХ РАЗЛИЧНОЙ ПИГМЕНТАЦИЕЙ.....	138
Anuarbek S., Abugalieva S., Tuberosa R., Turuspekov Y. ASSESSMENT OF THE PHENOTYPIC AND GENETIC DIVERSITY OF DURUM WHEAT COLLECTION (<i>TRITICUM DURUM DESF.</i>).....	139
Eva Janáková, Irena Jakobson, Hilma Peusha, Michael Abrouk, Monika Škopová, Ljudmilla Timofejeva, Hana Šimková, Jan Šafář, Jan Vrána, Jaroslav Doležel, Kadri Järve, Miroslav Valárik GENE CLONING WITHIN <i>TRITICUM MILITINAE</i> REGION INTROgressed IN TO LARGE AND COMPLEX GENOME OF WHEAT.....	140
Grigoreva E., Kale S., Stein N., Kovaleva O., Loskutov I., Potokina E. ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF BARLEY LANDRACES MAINTAINED IN THE VAVILOV INSTITUTE OF PLANT GENETIC RESOURCES (VIR) IN THE WORLD SCALE.....	141
Lawrenson T., Hayta S., Smedley M., Hundleby P., Harwood W. OPPORTUNITIES FROM CROP GENOME EDITING.....	142
Orina A.S., Gagkaeva T.Yu., Gavrilova O.P., Ablova I.B., Bespalova L.A. ASSAYING THE QUANTITATIVE PCR FOR THE CHARACTERIZATION OF WINTER WHEAT VARIETIES TO FUNGAL GRAIN INFECTION.....	143
Tikhonova M.A., Ingver A., Koppel R. SOURCES OF THE HIGH MOLECULAR WEIGHT GLUTENIN SUBUNIT ALLELES RELATED TO GOOD BREAD-MAKING QUALITY IN EUROPEAN SPRING AND WINTER WHEAT CULTIVARS.....	144

Приложение / Supplement

Программный и организационный комитеты конференции
Program and organizing committees of the conference

**Программа конференции «Хлеба будущего: геномика, генетика, селекция» в честь 125 летия
ВИР**
**Program of Conference “Breads of the future: genomics, genetics, breeding” conference devoted to
125 years of VIR**

Пленарные сессии конференции Conference plenary sessions

Приглашенные докладчики
Keynote speakers



ИНДУСТРИАЛЬНАЯ СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ: РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Беспалова Л.А.

*ФГБНУ «НЦЗ им.П.П. Лукьяненко», Россия, г. Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба
КНИИСХ
bespalova_l_a@rambler.ru*

Основным принципом селекции пшеницы в НЦЗ им. П.П. Лукьяненко является способность генотипа, а в последние 15-20 лет – генофонда сортов «доминировать над средой» (по выражению Н.И. Вавилова).

Это стратегия прослеживается в течение всей, почти 100 летней селекции. В 20-х – 40-х годах XX века скрещивание эколого-географически отдаленных форм, индивидуальный отбор в поле по элементам разработанной модели будущего сорта, система оценки экологической устойчивости во времени обеспечили доминирование созданных сортов на Юге СССР. Новые аллели редукции высоты растений, аттракции в сортах с широкими приспособительными и компенсаторными возможностями 50-х – 60-х годов обеспечили глобальное распространение сортов (Безостая 4, Безостая 1, Кавказ, Аврора и др.) до 18 млн. га ежегодно. По мнению многих ученых, в т.ч. Марка Таугера [1], это была «зеленая революция» параллельно с такой же нобелевского лауреата Нормана Барлауга.

В 60-е – 80-е годы для создания исходного материала широко применялся химический мутагенез, получение хромосомно и геномно замещенных линий, проводились исследования по созданию гибридов пшеницы. Полученные мутанты (Краснодарский карлик, Карлик Истока, с редуцированным и луковичным листом, хлорофильными изменениями) позволили конструировать растения и агрофитоценозы с принципиально новой архитектоникой, с экономным расходованием ресурсов среды и потенциальной урожайностью 10-12 т зерна с 1 га.

Расширение масштабов селекции, ее предадаптивной направленности, агрэкологической адресности, смена парадигмы предбридинга дает нам новые возможности как увеличения потенциальной урожайности (до 14 т/га) (и реальной в производстве до 10-10,5 т/га), так и увеличения адаптивного потенциала культуры (озимой пшеницы) во времени и пространстве.

[1]. М.Б. Таугер Павел Пантелеймонович Лукьяненко и Зеленая революция в Советском Союзе / М.Б. Таугер // Историко-биологические исследования.- 2015- том 7, №4.

GENEBANK COLLECTIONS - THE GENETIC BASIS FOR PLANT BREEDING AND RESEARCH

Börner A.^{1,*}, Nagel M.¹, Agacka-Mołdoch M.^{1,2}, Börner M.^{1,3}, Lohwasser U.¹, Riewe D.⁴, Altmann T.¹, Pshenichnikova T.A.⁵, Khlestkina E.⁶

¹*Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany;* ²*Institute of Soil Science and Plant Cultivation, State Research Institute, Puławy, Poland;* ³*Enza Zaden, Research and Development B.V., Enkhuizen, The Netherlands;* ⁴*Julius Kühn-Institut (JKI), Federal Research Centre for Cultivated Plants, Institute for Ecological Chemistry, Plant Analysis and Stored Product Protection, Berlin, Germany;* ⁵*Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia;* ⁶*N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St.*

Petersburg, Russia

* boerner@ipk-gatersleben.de

Plant genetic resources play a major role for global food security. The most significant and widespread mean of preserving plant genetic resources is *ex situ* conservation. Today about 1,750 *ex situ* genebanks world-wide maintain 7.4 million accessions. One of the ten largest *ex situ* collections of our globe is located at the Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) in Gatersleben, Germany, conserving 150,000 accessions from 3,200 plant species and 780 genera. Since the majority of genebank holdings globally is maintained as seed, seed storability is of exceptional importance for germplasm conservation.

At IPK research on seed longevity was initiated for a range of crops and wild relatives stored over decades. Historical germination data accumulated during 35 years of seed germination monitoring were analysed to predict species specific seed longevities. The study considered 75 species comprising 79,075 accessions and 157,402 observations. Beside interspecific differences variation was also detected within species and genetic analyses were initiated in barley, wheat, oilseed rape and tobacco.

In addition, mass spectrometry based untargeted metabolite profiling experiments were performed in order to detect biochemical changes coinciding with loss in seed germination. GC-MS analysis of the polar metabolome of wheat and barley identified glycerol and related intermediates as highly correlated to germination rate. Therefore, the lipidomic composition of a wheat panel was investigated using high-resolution liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS). A high proportion of tentative oxidized lipids was detected, suggesting lipid oxidation as the causal trigger for membrane degradation.

Beside research on seed storability genebank accessions and genetic stocks have been extensively used for genetic and genomic studies. Data on mapping of loci/marker trait associations for a range of different traits will be presented.

GLOBAL VISION FOR BREAD WHEAT RESEARCH

Peter Langridge

Wheat Initiative, Berlin-Dahlem, Germany and University of Adelaide, Australia

Created in 2011 following endorsement from the G20 Agriculture Ministries, the Wheat Initiative provides a framework to establish strategic research and organisation priorities for wheat research at the international level in both developed and developing countries.

The vision of the Wheat Initiative is to support a vibrant global wheat research community sharing resources, capabilities, data and ideas to improve wheat land productivity, quality and sustainable production. To achieve this the Wheat initiative:

- Provides a framework to establish strategic research and organisation priorities for wheat research at the international level in both developed and developing countries.
- Fosters communication between the research community, funders and global policy makers.
- Aims to secure efficient and long-term investments in wheat research.
- Develops and coordinates knowledge sharing amongst the wheat community.
- Improves access of all to resources, services and facilities.
- Supports education of students and life-long learning of researchers and farmers
- Stimulates public-private collaborations.

Сессия 1 Изучение и использование генетических ресурсов Session I Evaluation and use of genetic resources

НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР *

Лоскутов И.Г.^{1,2}

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия; ²С-Петербургский государственный университет, С-Петербург, Россия
i.loskitov@vir.nw.ru

Изучение генетических ресурсов зерновых культур имеет важное значение для выделения исходного материала для селекции. В последнее время, важнейшими направлениями селекции для ячменя и овса становятся, кроме зерновой продуктивности, показатели зерна, связанные с функциональными признаками качества. Традиционными направлениями селекции этих культур являются повышение содержания белка, лизина и крахмала, в настоящее время востребованными становятся и диетические свойства зерна. Качество зерна овса и ячменя зависит и от устойчивости к грибным заболеваниям. Заболевания не только уменьшают зерновую продуктивность растений, но также ухудшают и качество урожая за счет накопления токсичных метаболитов. Фузариоз зерна – заболевание, которое, в первую очередь, значительно снижает качество продукции и ее безопасность. Микотоксины, накапливающиеся в зерновках, уменьшают потребительские свойства этих культур и при их использовании отрицательно влияют на здоровье человека и животных. Многие исследователи отмечают, что голозерные сорта овса и ячменя более устойчивы к поражению зерна фузариозом и меньше накапливают микотоксинов. При исследовании образцов овса контрастных по параметрам устойчивости к фузариозу зерна (совместная работа с ВИЗР) на содержание белка, масла, качественный состав масла выявлена обратная корреляционная зависимость между содержанием белка в зерне овса, содержанием линоленовой кислоты в масле овса и зараженностью фузариозом. Проведение совместных исследований с отделом биохимии и молекулярной биологии ВИР по биохимическим признакам позволило выделить высококачественные генотипы ячменя и овса. Результаты метаболомного анализа выявили разнообразие спектров на видовом и внутривидовом уровне. Установлено, что голозерные сорта овса имели большие суммарные показатели по органическим, жирным и аминокислотам, стеролам, дисахарам и общим сахарам, а пленчатые сорта имели повышенные показатели только поmonoацилглицеролам, азотистым основаниям, многоатомным спиртам и моносахарам. Большое разнообразие метаболомных спектров было найдено на видовом уровне культурного овса и между сортами различного уровня селекционной проработки. Таким образом, сорта ячменя и овса с повышенным проявлением хозяйствственно ценных признаков и параметрами качественных показателей зерновки, таких как повышенное содержание, белка, масла с хорошо сбалансированным жирнокислотным составом и микроэлементов, а также устойчивостью к фузариозной инфекции и свободными от микотоксинов, могут быть источниками для селекции новых сортов на повышение

качества зерна для производства безопасных высококачественных, диетических и функциональных продуктов питания.

*Исследования выполнены в 2014–2016 гг. за счет гранта Российского научного фонда (проект № 14-16-00072) и в 2017-2019 гг. за счет гранта Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 17-00-00338).

SPATIAL AND TEMPORAL ADAPTATION OF A WILD EMMER WHEAT POPULATION UNDER CLIMATE CHANGE – A CASE STUDY FOR IN SITU CONSERVATION

Tal Dahan-Meir¹, Hanan Sela², Cathy Melamed-Bessudo¹, Naomi Avivi-Ragolsky¹, Amir Raz¹, Moshe Feldman¹, Yehoshua Anikster², Avraham A. Levy¹

¹Department of Plant and Environmental Sciences, Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel; ²The Institute for Cereal Crops Improvement, Tel-Aviv University, Tel Aviv, Israel.

Understanding the impact of climate change on biodiversity and food security is one of the major challenges of the 21st century. The fertile crescent, including Israel in the Southern levant, is one of the centers of origin of wheat, which is a staple food for billions of people. We characterized the natural wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) population of Ammiad, in Northern Israel. This population has been investigated for the past 34 years as an *in-situ* conservation case study, a period during which temperatures have raised by ~1.5 °C on average in the region and CO₂ levels have raised from ~350 ppm to ~410 ppm. Overall, 100 collection spots were chosen for the analysis. Each spot has been characterized by GPS coordinates and we have returned to the exact collection spots, every ~5 years on average since 1984. In total, eight years of collection were studied between 1984 to 2018. Both the different micro-habitats in the collection area and the long-term collection constitute a unique resource that enables both spatial and temporal genotypic analysis. Results from year 1984 are presented here. Using the Genotyping-By-Sequencing (GBS) method, we obtained 13924 polymorphic markers (excluding markers with more than 10% heterozygosity and with Minor Allele Frequency greater than 0.01), out of which 13340 were SNPs. We found that the population is very diverse: Each plant, diverged from the "Zavitan" wild emmer wheat reference genome by 1 SNP per 367 nucleotides on average, plants in the population diverged from each other by 1 SNP per 639 nucleotides on average and in total the population as a whole contained 1 SNP every 111 nucleotides. Some plants in the population were genetically more distant from each other, within tens or a few hundred meters distance than to the Zavitan accession located ~30 km from Ammiad. We also found that the population is highly structured in genotypic clusters corresponding to micro-niches and providing a strong evidence for micro-adaptation. These findings indicate that when sampling biodiversity in the wild, the collection strategy should take habitat heterogeneity as a major consideration. In Ammiad, slope exposure, ridge of the hills or valley, were more relevant than physical distances. The temporal variation will be discussed.

NEW INSIGHTS ON THE ADAPTATION OF OLD DURUM WHEAT RESULTING FROM ITS MIGRATION ACROSS THE MEDITERRANEAN BASIN

Royo C*, Soriano J.M., Villegas D.

Sustainable Field Crops Programme, Institute for Food and Agricultural Research and Technology (IRTA), 25298 Lleida, Spain
*conxita.royo@irta.cat

Durum wheat originated in the Fertile Crescent (10,000 BP) and spread over the Mediterranean Basin, reaching the Iberian Peninsula in about 7,000 BP. During this migration, natural and human selection processes resulted in the development of local landraces specifically adapted to a diversity of agro-ecological zones. Field evaluation of a collection of 172 durum wheat landraces from 21 Mediterranean countries demonstrated that their agronomic performance was strongly influenced by the climate of the zone of origin [1]. The analysis of the genetic structure of the collection, ascertained with 44 SSR-markers, clustered the accessions in four subpopulations with a clear geographical pattern. Experiments conducted during six crop seasons with a subset of the collection identified contrasting patterns of adaptation in Eastern- and Western-Mediterranean subpopulations, which resulted in different yield formation strategies. Landraces from eastern Mediterranean countries, adapted to the warmest and drier area, flowered earlier and based their yield on water input before anthesis that was beneficial for producing large number of spikes and grains per unit area. In contrast, landraces from the western Mediterranean countries were taller and performed better in environments with high water input during grain filling that efficiently used to increase grain setting and to produce heavy grains. According to a genome wide association study with 1149 DArT markers [2], the genetic bases behind these contrasting adaptation strategies was elucidated by identifying 23 markers associated to those agronomic traits, which showed different allele frequency in landraces from the East and west regions of the Mediterranean Basin [3].

[1]. Royo C., Nazco R., Villegas D., The climate of the zone of origin of Mediterranean durum wheat (*Triticum durum* Desf.) landraces affects their agronomic performance. // 2014, Gen. Res. Crop Evol., V. 61, P. 1345–1358.

[2]. Soriano J.M., Malosetti M., Roselló M., Sorrells M.E., Royo C., Dissecting the old Mediterranean durum wheat genetic architecture for phenology, biomass and yield formation by association mapping and QTL meta-analysis. // 2017, PLoS ONE, Vol. 12: e0178290.

[3]. Soriano J.M., Villegas D., Sorrells M.E., Royo C., Durum wheat landraces from East and West Regions of the Mediterranean Basin are genetically distinct for yield components and phenology. 2018. Frontiers in Plant Science Vol. 9 (80).

Acknowledgements: This work was partially supported by projects AGL-2006-09226-C02-01, AGL-2009-11187, AGL-2012-37217 and AGL2015-65351 from the Spanish Ministry of Economy and Competitiveness, and the CERCA programme / Generalitat de Catalunya.

Сессия 2 Геномика Session II Genomics

DURUM WHEAT GENOME REVEALS THE SIGNATURE OF 10 000 YEARS OF SELECTION

Marco Maccaferri^{1,2}, Neil S. Harris³, Sven O. Twardziok⁴, Raj K. Pasam⁵, Heidrun Gundlach⁴, Manuel Spannagl¹⁴, Danara Ormanbekova^{1,4}, Thomas Lux⁴, Verena Prade⁴, Sara G. Milner⁶, Axel Himmelbach⁶, Martin Mascher^{6,7}, Paolo Bagnaresi⁸, Primetta Faccioli⁸, Paolo Cozzi⁹, Massimiliano Lauria⁹, Barbara Lazzari⁹, Alessandra Stella⁹, Andrea Manconi¹⁰, Matteo Gnocchi¹⁰, Marco Moscatelli¹⁰, Raz Avni¹¹, Jasline Deek¹¹, Sezgi Biyiklioglu¹², Elisabetta Frascaroli¹, Simona Corneti¹, Silvio Salvi¹, Gabriella Sonnante¹³, Francesca Desiderio⁸, Caterina Mareè⁸, Cristina Crosatti⁸, Erica Mica⁸, Hakan Ozkan¹⁴, Benjamin Kilian¹⁵, Pasquale De Vita², Daniela Marone², Reem Joukhadar⁵, Elisabetta Mazzucotelli⁸, Domenica Nigro¹⁶, Agata Gadaleta¹⁶, Shiao Man Chao¹⁷, Justin D. Faris¹⁷, Arthur T. O. Melo¹⁸, Mike Pumphrey¹⁹, Nicola Pecchioni², Luciano Milanesi¹⁰, Krysta Wiebe²⁰, Jennifer Ens²⁰, Ron P. MacLachlan²⁰, John M. Clarke²⁰, Andrew G. Sharpe²¹, Chu Shin Koh²¹, Kevin Y. H. Liang³, Gregory J. Taylor³, Ron Knox²², Hikmet Budak¹², Anna M. Mastrangelo², Steven S. Xu¹⁷, Nils Stein⁶, Iago Hale¹⁸, Assaf Distelfeld¹¹, Matthew J. Hayden⁵, Roberto Tuberosa¹, Sean Walkowiak²², Klaus F. X. Mayer⁴, Aldo Ceriotti⁹, Curtis J. Pozniak²⁰, Luigi Cattivelli⁸

¹ Department of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, Bologna, Italy; ² CREA-Research Centre for Cereal and Industrial Crops, Foggia, Italy; ³ Department of Biological Sciences, University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada; ⁴ Helmholtz Zentrum München, Plant Genome and Systems Biology, Neuherberg, Germany; ⁵ Agriculture Victoria, Agribio Centre for AgriBioscience, Bundoora, Vic 3083, Australia; ⁶ Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, 06466, Seeland, Germany; ⁷ German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle-Jena-Leipzig, Deutscher Platz 5e, 04103 Leipzig, Germany; ⁸ CREA-Research Centre for Genomics and Bioinformatics, Fiorenzuola d'Arda, Italy; ⁹ National Research Council - Institute of Agricultural Biology and Biotechnology, Milano, Italy; ¹⁰ National Research Council - Institute of Biomedical Technologies, Segrate, Italy; ¹¹ School of Plant Sciences and Food Security, Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel; ¹² Montana State University, Bozeman, MT, USA; ¹³ National Research Council - Institute of Biosciences and Bioresources, Bari, Italy; ¹⁴ Çukurova University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops, Adana, Turkey; ¹⁵ Global Crop Diversity Trust, Bonn, Germany; ¹⁶ Department of Soil, Plant and Food Sciences, University of Bari Aldo Moro, Bari, Italy; ¹⁷ United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service, Edward T. Schafer Agricultural Research Center, Fargo, ND, USA; ¹⁸ Department of Agriculture, Nutrition, and Food Systems, University of New Hampshire, USA; ¹⁹ Department of Crop and Soil Sciences, Washington State University, Pullman, WA, USA; ²⁰ Crop Development Centre and Department of Plant Sciences, University of Saskatchewan, Saskatoon, Saskatchewan, Canada; ²¹ Global Institute for Food Security, University of Saskatchewan, Saskatoon, Saskatchewan, Canada; ²² Swift Current Research and Development Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Swift Current Saskatchewan, Canada

The domestication of wild emmer wheat ~10,000 years ago by early agrarian societies have led to the selection of domesticated emmer and subsequently of durum wheat through a process of selection for non-brittle rachis and free-threshing forms. Durum wheat became established as a prominent crop only ~1,500-2,000 years ago. We have completed the 10.45 Gb assembly of the 14 chromosomes of the modern DW cultivar ‘Svevo’ and provides, via comparison with the wild emmer assembly, an account of the genome-wide modifications imposed by 10,000 years of selection and breeding on the genome architecture of tetraploid wheat. The durum wheat genome contains more than 66,000 genes and among them we annotated about 1,500 complete NBS-LRR genes. A number of regions that were under selection during the domestication of wild emmer or the subsequent selection of durum wheat have been identified. Furthermore, we have projected on the durum wheat genome about 1,500 QTLs for morphological phenological and quality traits, grain yield components and disease resistance reported from published biparental mapping or GWAS. The availability of the complete genome of durum wheat will speed up the identification and the isolation of new resistance genes as well as the breeding for high-yielding and more resilient cultivars.

Сессия 3 Потенциал урожайности и эффективное использование генетических ресурсов

Session III Yield potential and efficient use of genetic resources

SELECTION AND CHARACTERIZATION OF A WINTER WHEAT DIVERSITY PANEL

Le Gouis J.^{1,*}, Mini A.¹, Bouchet S.¹, Paux E.¹, Lafarge S.², Derory J.², Balfourier F.¹

¹*INRA-UCA, GDEC, Clermont-Ferrand, France;* ²*Limagrain Europe, Chappes, France*

**Jacques.le-gouis@inra.fr*

To increase the genetic diversity available to breed for adaptation to climate change, it is necessary to better characterize genetic resources that are maintained in resource centers. The small grain collection hosted at INRA Clermont-Ferrand (France) includes about 14,000 bread wheat accessions and relatives. One of the objectives of the BreedWheat project was to sample a large collection of 4,600 wheat accessions from various origins reflecting the genetic structure of the different wheat gene pools. All these accessions were genotyped with a dense SNP array developed in the project. It was then used to further define a winter genetic panel of about 450 accessions suitable to perform association genetics. The methodology used to select these accessions consisted first in restricting the sample in terms of precocity and height compared to controls. Several statistical algorithms were then tested to define the optimal sample maximizing the power of detection in association genetics. After two cycles of seed increase, the panel, named BWP3, was evaluated in the field by the project partners. Several experiments were carried out to characterize the tolerance of the accessions to the major constraints of wheat cultivation: disease resistance (Septoria and Fusarium), drought and nitrogen deficiency tolerance. These data were combined with molecular data to identify the regions of the genome involved in tolerance. The promising accessions and chromosomal regions will be entered in pre-breeding programs to facilitate breeding for adaptation.

Acknowledgements: This work was conducted within the Investment for the Future Program (BreedWheat project ANR-10-BTBR-03) supported by the Research National Agency (ANR), FranceAgriMer, the French Funds to support Plant Breeding (FSOV) and INRA. The authors thank the Biological Resource Center on small grain cereals (INRA Clermont-Ferrand) for providing seed samples.

NON-INVASIVE PHENOTYPING REVEALS STRESS-ADAPTIVE AND CONSTITUTIVE BIOVASS QTL IN CEREALS

Neumann K.* , Grieco M., Zhao Y., Chu J., Dhanagond S., Reif J., Graner A.

IPK Gatersleben, Germany, Seeland OT Gatersleben, Corrensstrasse 3

*neumannk@ipk-gatersleben.de

Grain yields in Europe are stagnating also due to climate change, which is leading to an increased frequency of droughts and heat periods. Modern varieties are bred for high performance and often have a lower stress tolerance. Plant genetic resources can still carry gene variants that increase abiotic stress tolerance. Once these have been identified they can be introduced into elite material for enhancing stress tolerance to ensure future yields. With the help of daily non-invasive phenotyping via imaging it is possible to quantify many different effects of abiotic stress at once [1]. Through controlled irrigation and in controlled greenhouse conditions, different scenarios of drought or heat stress can be explored. The large number of phenotypic traits obtained from image analysis allows deep insights into the reactions of plants to stress. The effects of drought stress on plant growth are first visible in reduced growth rates; only when drought persists for longer a reduction in photosynthesis efficiency can be observed. The point at which growth stops can be determined applying mathematical models to the growth curves. If there is no permanent damage, they recover quickly in growth and photosynthetic efficiency. In combination with molecular information from the latest genotyping techniques in genome-wide association studies (GWAS), quantitative trait loci (QTL) for the various traits were identified in barley and wheat collections. Already for growth under well-watered conditions, different QTLs for early and late developmental stages were identified [2]. By comparing GWAS results of stress and well-watered conditions QTL can be classified as constitutive QTL, stress-adaptive and recovery-adaptive QTL. The regions associated with drought tolerance are screened for the underlying candidate genes and will be further investigated.

[1] Neumann, K., Klukas, C., Friedel, S., et al. (2015). Dissecting spatiotemporal biomass accumulation in barley under different water regimes using high-throughput image analysis. *Plant Cell Environ*, 38, 1980-1996.

[2] Neumann, K., Zhao, Y., Chu, J., et al. (2017). Genetic architecture and temporal patterns of biomass accumulation in spring barley revealed by image analysis. *BMC Plant Biol*, 17, 137.

Acknowledgements: This work was supported by Federal Ministry of Education and Research of Germany in the frame of CROP.SENSE.net consortium (FKZ 0315530E), BARSELECT (FKZ 0315969D) and BRIWECS (FKZ 031A354G).

ЧУЖЕРОДНЫЕ ИНТРОГРЕССИИ У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ: РАСШИРЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ ЭКОНОМИЧЕСКИ ВАЖНЫХ ПРИЗНАКОВ

Пшеничникова Т.А.

ФГБНУ «ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН», Россия, Новосибирск, 630090, пр. ак. Лаврентьева, 10
e-mail: wheatpsh@bionet.nsc.ru

Устойчивое развитие сельского хозяйства в настоящее время встречается с серьёзными вызовами. Они обусловлены как неблагоприятными изменениями климата Земли, так и интенсивной хозяйственной деятельностью человека. Преодоление этих вызовов во многом связано с созданием нового разнообразного генетического материала для селекции. Мягкая пшеница – вторая по значимости продовольственная культура человечества, поэтому её адаптационные возможности нуждаются в постоянном совершенствовании. Источниками востребованного генетического разнообразия являются линии пшеницы с интрагрессиями от диких и малоокультуренных сородичей, которые в большом числе созданы в результате генетических исследований отдалённых гибридов. Данное исследование посвящено использованию видов *Aegilops tauschii*, *Ae. speltoides*, *Ae. markgraffii* и *Triticum timopheevii* для поиска генов, определяющих адаптации к засухе и связанных с технологическими свойствами зерна и муки, а также для создания линий-доноров ценных признаков. Использование линий пшеницы с интрагрессиями из генома D *Ae. tauschii* позволило картировать локусы, ассоциированные с функционированием фотосинтетического аппарата в условиях засухи, а также идентифицировать вероятные гены-кандидаты. Из видов *Ae. speltoides* и *T. timopheevii* в мягкую пшеницу были интрагрессированы гены опушения листа, которые существенно влияли на ответные физиологические реакции в условиях водного стресса. Из этих же видов, а также из вида *Ae. markgraffii* в мягкую пшеницу были интрагрессированы гены, определяющие высокое содержание клейковины в зерне. Была определена их хромосомная локализация, а положение на хромосоме было установлено с помощью молекулярных маркёров. Созданы и испытаны в полевых условиях линии – доноры этого важного признака. Из вида *Ae. speltoides* был введён новый доминантный ген структуры эндосперма зерновки, определяющий мягкозёрность. В комбинации с аналогичным геном пшеницы были получены супермягкозёрные линии, пригодные для целей кондитерской промышленности и дистилляции спиртов. Таким образом, линии с чужеродными интрагрессиями являются надёжным резервом генов для улучшения сортов пшеницы по комплексу экономически важных признаков.

Данная работа была выполнена при поддержке грантов РФФИ №18-04-00481, РФФИ_офи №17-29-08028 и бюджетного проекта ИЦиГ СО РАН №0259-2018-0018

Сессия 4 Улучшение устойчивости к факторам биотического и абиотического стресса

Session IV Improving of resistance to biotic and abiotic stress

BREEDING FOR RESISTANCE – CORNERSTONE FOR FUTURE CEREAL PRODUCTION

Frank Ordon

Julius Kühn-Institute (JKI), Erwin-Baur-Str. 27, 06484 Quedlinburg, Germany

Wheat and barley are of special importance for feeding the earth's growing population. However, both are hit by many pathogens causing severe yield losses and both suffer from increasing drought, worldwide. Therefore, in order to ensure a sufficient cereal production, improving resistance to biotic and abiotic stress is of prime importance. In this respect, genetic resources are a valuable treasure trove to cope with these challenges of the future. To use the genetic diversity present in gene banks, it is essential (i) to screen genetic resources for traits of interest, (ii) develop molecular markers for these traits and (iii) use these for an enhanced introgression into adapted cultivars. While in the past marker development was time consuming and laborious, today genomic resources like the Infinium iSelect genotyping bead chips, genotyping by sequencing (GBS) and the availability of reference sequences facilitate efficient marker development for major genes and QTL and pave the way for enhanced gene isolation. The isolation of genes involved in these traits will transfer breeding to the allele level and will facilitate the sequenced based identification of novel alleles in large gene bank collections and their directed use in plant breeding as well as allele editing. Examples of using these genomic tools to harness resistances to fungal (e.g. *P. hordei*, *P. triticina*, *P. teres* etc.) and viral pathogens (BYDV, WDV, BaMMV, BaYMV) as well as for improving the adaptation to climate change are given.

MOLECULAR ANALYSIS OF FUNCTION AND DIVERSITY OF WHEAT DISEASE RESISTANCE IN THE AGE OF (PAN-)GENOMICS

Keller B.^{1,*}, Krattinger S.², Kolodziej M¹., Wicker T.¹, Sanchez-Martin J.¹.

¹*University of Zurich, Switzerland, Zurich, Zollikerstrasse 107;* ²*King Abdullah University of Science and Technology, Kingdom of Saudi Arabia, Thuwal.*

**bkeller@botinst.uzh.ch*

In the genepool of wheat, several hundred disease resistance genes have been described genetically. These are mostly genes active against biotrophic pathogens such as rust or mildew, but there are also many genes against necrotrophic diseases. Most of these genes have not been identified and characterized at the molecular level, and there are no highly diagnostic markers available for these genes for wheat breeding. The molecular isolation of genes from the large and repetitive wheat genome has been tedious and costly using the traditional map-based cloning approach. Recent developments in genomics have resulted in more efficient gene isolation [1]. Based on mutational analysis, chromosome-flow sorting and next-generation sequencing, resistance genes can now be identified rapidly and there is a strong increase of the number of cloned genes. Furthermore, the use of wild and domesticated genotypes, landrace collections as well as collections of cultivars has resulted in very efficient gene identification based on genome wide association approaches. The novel tools and approaches now allow the identification of all resistance genes in the wheat gene pool that have been described genetically. It is timely to envisage, plan and coordinate a large international effort to establish a comprehensive overview on the naturally occurring disease resistance genes in the gene pools of cultivated wheat and its wild relatives.

Gene identification largely depends on the recent establishment of the wheat reference genome sequence. Clearly, one reference genome is not sufficient to understand the large diversity of resistance loci in wheat. It was shown in a comparative analysis of complete wheat chromosome sequences that the genomic regions carrying genes encoding putative NLR immune receptors vary widely between two cultivars [2]. Thus, high-quality genome sequences of additional genotypes are essential for rapid progress in resistance gene identification. The 10+ genome project (<https://www.wheatinitiative.org/activities/associated-programmes/10-wheat-genomes-project>) aims at establishing genomes from a variety of cultivated wheat genotypes and represents an essential first step to define the pan-genome of wheat. The identification of a close-to-complete set of resistance genes active against a specific disease will allow wheat breeders to develop better strategies for using and combining genes under specific agricultural conditions [3].

References

- [1] Keller, B., Wicker, T. and Krattinger, S., Advances in wheat and pathogen genomics: Implications for disease control. // 2018, Ann. Rev. Phytopathology, 56: 67-87.
- [2] Thind, A. et al., Chromosome-scale comparative sequence analysis unravels molecular mechanisms of genome dynamics between two wheat cultivars. // 2018, Genome Biology, 19:104. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1477-2>
- [3] Sanchez-Martin, J. and Keller, B. Contribution of recent technological advances to future resistance breeding. // 2019, Theoretical and Applied Genetics. Online <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03297-1>

Acknowledgements: This work was supported by the Swiss Department of Agriculture (BLW, Bern) and the Swiss National Science Foundation.

THE TETRAPLOID WHEAT GERMPLASM COLLECTION (TGC) UNCOVERS VALUABLE DIVERSITY IN TETRAPLOID WHEAT

Maccaferri M.¹, Ormanbekova D.¹, K. Pasam R.K.², Mastrangelo A.M.³, Mazzucotelli E.⁴, Kilian B.⁵, Ozkan H.⁶, Pecchioni N.³, Pozniak C⁷, Xu S.⁸, Hayden M.², Cattivelli L.⁴, Tuberrosa R.¹

¹Dept. of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, Italy; ²Dept. of Economic Development, Jobs, Transport and Resources, Agribio Centre, La Trobe Research And Development Park, Bundoora, Vic 3083, Australia; ³CREA - Research Centre for Cereal and Industrial Crops, Foggia, Italy; ⁴CREA - Research Centre for Genomics and Bioinformatics, Fiorenzuola d'Arda (PC), Italy; ⁵Global Crop Diversity Trust, Bonn, Germany; ⁶Cukurova University, Adana, Turkey; ⁷College of Agriculture and Bioresources, University of Saskatchewan, Saskatoon, Canada; ⁸USDA-ARS, Cereal Crops Research Unit, Fargo, North Dakota

The domestication of the wild emmer wheat nearly 10,000 years ago in the Fertile Crescent led to the evolution of the free-threshing and easy to harvest tetraploid *Triticum durum* wheat. The recently assembled high-quality reference genome of durum wheat cultivar Svevo and the Global Tetraploid wheat Collection (GTC) comprised of 1,856 accessions, were profiled with the Illumina iSelect wheat 90K SNP array [1]. The GTC includes ten different species and subspecies from various geographical regions and represents the four main germplasm groups involved in the tetraploid domestication and selection history. The GTC was investigated to detect the signatures of genetic divergence in tetraploid wheat germplasm from wild emmer to domesticated modern wheat. Selection signature regions associated with wild emmer domestication and durum wheat evolution were identified on the pericentromeric regions of chromosome groups 2, 4, 6 and on chromosomes 1A, 7B. Several diversity reduction and selection signature peaks overlapped with loci associated with domestication, disease resistance, yellow pigment content and seed dormancy. Population structure of the tetraploid diversity panel assessed with two model and two non-model based clustering methods, subdivided (i) wild emmer (WEW) in two main populations, (ii) domesticated emmer (DEW) and durum landraces (DWL) in six populations each, and (iii) durum cultivars (DWC) in five subpopulations. The modern durum wheat germplasm showed the highest relationship to the North African and Turkey to Transcaucasia DWL populations, while the Ethiopian and *T. turanicum* populations were the most differentiated with a minimal contribution to the modern durum germplasm. Our results suggest that modern durum wheat has been affected by genetic bottleneck/selection events leading to strong diversity depletions. These selection signatures provide a valuable insight into the dynamics of tetraploid wheat domestication. Furthermore, we started to scan the largely untapped natural variation present in this collection for marker/haplotype trait associations and candidate genes associated to resistance to rusts, septoria tritici blotch and grain / spike morphological features. The marker haplotypes identified in this collection can be considered as a framework to extend the diversity analysis to other germplasm collections.

Acknowledgements: This work was supported by the Italian Ministry of Education and Research with projects CNR Flagship InterOmics PB05; CREA project Interomics; Fondazione in rete per la ricerca agroalimentare AGER project From Seed to Pasta; FP7-KBBE Project DROPS ID244347 (R.T.); Genome Canada (A.G.S., C.P.); the Saskatchewan Wheat Development Commission (A.G.S., C.P.); Canadian Triticum Applied Genomics -CTAG2- (A.G.S., C.P.); Binational Science Foundation grant no. 2015409 (I.H., A.D.).

[1]. Maccaferri M. et al. Durum wheat genome highlights past domestication signatures and future improvement targets // 2019, Nature Genetics, in press.

ЭФФЕКТИВНЫЕ КОМБИНАЦИИ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ СОРТОВ ЯЧМЕНИ С ДЛИТЕЛЬНОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ К *PYRENOPHORA TERES F. TERES*

Афанасенко О.С.

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Россия, Санкт-Петербург-Пушкин, шоссе Подбельского, 3
e-mail: olga.s.afan@gmail.com

Использование современных технологий по идентификации генов качественной и количественной (QTL) устойчивости ячменя к болезням путем полногеномного ассоциативного картирования (GWAS) значительно расширило генетическое разнообразие устойчивости ячменя к болезням и, в частности, к возбудителю сетчатой пятнистости *Pyrenophora teres f. teres* (Amezrou et al. 2018; Richards et al. 2017; Wonneberger et al. 2017a). К настоящему времени идентифицировано 5 главных генов устойчивости и более 40 QTL, контролирующих различный уровень устойчивости к *P. teres f. teres*. Возникает проблема практического использования в селекции имеющихся генетических ресурсов устойчивости ячменя к патогену. Существующие технологии контроля передачи генов устойчивости в элитный гибридный материал с использованием молекулярных маркеров обеспечивают возможность использования нескольких генов устойчивости для создания сортов с длительной устойчивостью. Важнейшей задачей, в настоящее время, является выявление эффективных комбинаций генов устойчивости, способных обеспечить длительную защиту от болезни. Одним из путей выявления таких комбинаций является анализ природных популяций возбудителя по вирулентности на наборе из сортов (образцов) с разными генами устойчивости. Анализ многолетних данных изменчивости популяций возбудителя сетчатой пятнистости ячменя показал, что в природных популяциях возбудителя существуют «запретные» комбинации генов вирулентности. Следовательно, комплементарные комбинации генов устойчивости смогут обеспечить эффективную защиту от болезни. Отсутствие или редкая ассоциация генов вирулентности комплементарных определенным генам устойчивости может быть обусловлена рядом причин: нарушением мейоза, летальностью либо пониженной фертильностью аскоспор, рекомбинантных по определенным генам вирулентности, пониженной фитностью аскоспор и конидий с «лишними» генами вирулентности.

Amezrou R et al. (2018) Genome-wide association studies of net form of net blotch resistance at seedling and adult plant stages in spring barley collection Molecular Breeding 38 doi:10.1007/s11032-018-0813-2

Richards JK, Friesen TL, Brueggeman RS (2017) Association mapping utilizing diverse barley lines reveals net form net blotch seedling resistance/susceptibility loci Theor Appl Genet 130:915-927

Wonneberger R, Ficke A, Lillemo M (2017a) Identification of quantitative trait loci associated with resistance to net form net blotch in a collection of Nordic barley germplasm Theor Appl Genet 130:2025-2043

Краткие выступления молодых ученых Elevator Pitch for young scientists

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ ЯЧМЕНЯ ИЗ ЭФИОПИИ ПО АДАПТИВНО ВАЖНЫМ ПРИЗНАКАМ

Абдулаев Р.А.*., Лебедева Т.В., Алпатьева Н.В., Чумаков М.А., Косарева И.А., Радченко Е.Е.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова, Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44

* abdullaev.1988@list.ru

Изучали потенциал изменчивости ячменей Эфиопии по устойчивости к биотическим и абиотическим стрессорам. В лабораторных экспериментах оценили ювенильную устойчивость 925 образцов ячменя из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) к северо-западной популяции возбудителя мучнистой росы *Blumeria graminis* (DC.) Golovin ex Speer f. sp. *hordei* Marchal. Устойчивые и восприимчивые растения коллекционных форм проанализировали также с помощью молекулярных маркеров, разработанных для идентификации гена *mlo11*. Фенотипический скрининг позволил выделить 27 устойчивых к *B. graminis* образцов, 47 форм гетерогенны по изученному признаку. Выявили 15 образцов, несущих аллель *mlo11*, который обеспечивает длительную устойчивость к мучнистой росе большинства современных сортов ячменя. Экспрессия устойчивости у этих образцов различна, что может объясняться как проявлением других, нетождественных *mlo11*, генов устойчивости, так и присутствием в генотипах выделенных образцов разных аллельных вариантов гена *mlo11*. Устойчивость к *B. graminis* остальных 59 форм контролируется эффективными генами, отличающимися от *mlo11*. Изученная коллекция неоднородна также по резистентности к краснодарской популяции обыкновенной злаковой тли (*Schizaphis graminum* Rondani). Умеренной устойчивостью к опасному вредителю характеризовались 13 образцов, 29 форм оказались гетерогенными. На фоне естественной эпидемии карликовой ржавчины (возбудитель – *Puccinia hordei* G.H. Otth.) на полях Пушкинских лабораторий ВИР (Санкт-Петербург) в 2018 г. оценили устойчивость 644 образцов. Большая часть изученных форм восприимчива к болезни. Устойчивостью характеризовались 17 образцов, из них 2 обладали резистентностью к мучнистой росе. Все устойчивые к *B. graminis* образцы изучили по чувствительности к хлоридному засолению почвы. В лабораторных опытах устойчивость к стрессору выявлена у 15 образцов ячменя. Таким образом, наши эксперименты показали, что ячмени Эфиопии характеризуются довольно высокой частотой форм, защищенных не только *mlo11*, но и другими эффективными генами устойчивости к мучнистой росе. Выявлены образцы с групповой и комплексной устойчивостью к вредным организмам, а также к абиотическому стрессору.

Работа была выполнена при поддержке РФФИ (грант № 18-016-00075).

THE STUDY OF FUNGAL INFECTION AND MYCOTOXINS IN GRAIN OF WILD AVENA SPECIES FROM VIR COLLECTION

Gavrilova O.P.^{1*}, Gagkaeva T.Yu.¹, Orina A.S.¹, Blinova E.V.², Loskutov I.G.²

¹All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), Russia, St-Petersburg-Pushkin

²N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Russia, St-Petersburg

* olgavrilova1@yandex.ru

The genetic potential of *Avena* genus can be serve as useful source of material for breeding resistant cultivars. The 57 genotypes belonging to *A. atlantica*, *A. canariensis*, *A. clauda*, *A. damascena*, *A. hirtula*, *A. longiglumis*, *A. wiestii*, *A. agadiriana*, *A. barbata*, *A. vaviloviana*, *A. insularis*, *A. magna*, *A. murphyi*, *A. fatua*, *A. ludoviciana*, *A. occidentalis*, *A. sterilis* from the collection of the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR) were tested for infection of grain by seed-borne fungi [1]. The plants were grown in the field and inoculated by *Fusarium culmorum*, in addition to natural infection. Quantification of DNA of the trichothecene producing *Fusarium* (Tri-*Fusarium*), *Alternaria* and *Cladosporium* fungi was performed by TaqMan PCR. All grain samples were examined for DON content by ELISA. Also we analyzed the connection for some morphological traits of the *Avena* species and grain infection by fungi.

The amounts of *Alternaria* DNA ranged from 0.057 to 0.79 pg/ng of total DNA. The greatest variation in the DNA amount was detected for *Cladosporium* fungi (0.0029–3.3 pg/ng). The DNA of Tri-*Fusarium* showed substantial variation in the range 0.0065–1.2 pg/ng. The level of DON varied between 52 and 3862 µg/kg. It was revealed the high negative correlation ($p<0.01$) between their DNA of *Alternaria* and *Cladosporium* fungi and proportion of husk mass as well as with trichomes profusion was found. In contrary, a significant positive correlation ($p<0.01$) was detected between the amount of Tri-*Fusarium* DNA and these traits ($r=0.39$).

The average amounts of *Alternaria*, *Cladosporium* and Tri-*Fusarium* DNA in the di- and tetraploid *Avena* species were 1.3–2.8 times higher than in hexaploid species. Also the average amount of DON in the tetraploid group of *Avena* species was 2.0–2.2 times higher than in the di- and hexaploid species. The significant positive correlations ($p<0.05$) were detected between contents of *Alternaria* and *Cladosporium* DNA ($r=0.81$), and between Tri-*Fusarium* DNA and DON ($r=0.60$).

Combining the results of DNA quantification of *Alternaria*, *Cladosporium*, Tri-*Fusarium* fungi and DON contamination showed that the least-infected oats were hexaploids *A. byzantina*, *A. fatua*, *A. sativa*, and *A. sterilis* and diploid *A. wiestii*. The hexaploids *A. magna* and *A. vaviloviana* and the diploid *A. longiglumis* showed the highest levels of fungal DNA and DON contents.

The investigation was supported by the Russian Science Foundation (No. 14-16-00072).

[1]. Gagkaeva T.Yu., Gavrilova O.P., Orina A.S., Blinova E.V., Loskutov I.G. Response of wild *Avena* species to fungal infection of grain // 2017, The Crop J., V.5, No.6, P.499-508, <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.04.005>

ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ ЛОКУСА *Blp*, КОНТРОЛИРУЮЩЕГО ФОРМИРОВАНИЕ ПРИЗНАКА ЧЁРНОЙ ОКРАСКИ КОЛОСА ЯЧМЕНИ (*HORDEUM VULGARE L.*)

Глаголева А.Ю.^{1,*}, Шмаков Н.А.¹, Мурсалимов С.Р.¹, Хлесткина Е.К.^{1,2}, Шоева О.Ю.¹

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лаврентьева, 10; ²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* glagoleva@bionet.nsc.ru

У ячменя (*Hordeum vulgare L.*) описан признак черной окраски колоса, обусловленный синтезом полифенольных соединений меланинов в цветковой чешуе и в перикарпе зерна. Сообщалось о взаимосвязи данного признака с повышенной устойчивостью растений ячменя к фузариозу, а также к неблагоприятным условиям внешней среды (засуха, пониженная температура). Тканеспецифическое образование меланиновых пигментов в колосе контролируется моногенно. Соответствующий локус *Blp* (*black lemma and pericarp*) был картирован на длинном плече хромосомы 1Н. В данном локусе были идентифицированы 40 генов-кандидатов [1], однако ни один из генов, вовлеченных в формирование признака черной окраски, до сих пор не выделен.

Целью данного исследования является сравнительная характеристика почти изогенных линий ячменя, различных по локусу *Blp*, для выявления потенциальных генов-кандидатов данного локуса. Для работы нами были выбраны почти изогенные линии ячменя: неокрашенный сорт Bowman (Bw) и черноколосая линия i:Bw*Blp*.

В работе была проведена сравнительная морфометрическая характеристика, а также цитологический анализ развивающегося зерна и транскриптомный анализа чешуй колоса и перикарпа зерна данных линий.

Было показано, что локус *Blp* оказывает существенно влияние на метаболизм растений ячменя. В частности, показано, что данный локус снижает показатели продуктивности колоса у линии с черной окраской, но оказывает положительный эффект на устойчивость проростков ячменя в условиях абиотического стресса. Сравнительный RNA-seq анализ чешуй колоса и перикарпа зерна изучаемых линий позволил установить, что различия аллельного состава в локусе *Blp* ассоциированы с изменением экспрессии более тысячи генов. Среди генов с повышенной экспрессией в линии i:Bw*Blp* наиболее представленными являются гены путей биосинтеза фенилпропаноидов и жирных кислот, в то время как экспрессия генов биосинтеза целлюлозы значительно снижена в этой линии по сравнению с Bw. С помощью световой микроскопии впервые была определена внутриклеточная локализации меланиновых пигментов.

Проведенный сравнительный комплексный анализ показал, что локус *Blp* определяет не только черную окраску колоса, но оказывает влияние на метаболизм растений. Полученные данные позволяют сузить список потенциальных генов-кандидатов локуса *Blp* для последующего их детального изучения.

[1]. Jia et al., Toward identification of black lemma and pericarp gene *Blp1* in barley combining bulked segregant analysis and specific-locus amplified fragment sequencing. // 2017, Front. Plant Sci. 8:1414.

ПРОБЛЕМЫ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЛАКОВЫХ КУЛЬТУР К НОВОМУ БАКТЕРИАЛЬНОМУ ПАТОГЕНУ ВИДА *XANTHOMONAS ARBORICOLA*

Кырова Е.И.^{1,*}, Игнатов А.Н.^{2,3}

¹ФГБНУ ВИЗР, Россия, Санкт-Петербург, г. Пушкин, ш. Подбельского, д. 3, 196608; ²ИЦ «ФитоИнженерия» ООО, Московская обл., Дмитровский район, с. Рогачево, ул. Московская, стр. 58, 141880; ² Российский университет дружбы народов, Москва, ул. Миклухо-Маклая, 6, 117198
* *ekirova1911@yandex.ru*

Злаки, или растения сем. Мятликовые, включают важнейшие сельскохозяйственные культуры во всем мире. Размеры площадей под возделывание злаковых культур в мире составляют около 680 млн. га., из них на территории РФ - 42,7 млн. га. Основной процент площадей традиционно отдается ячменю и пшенице (более 75%). Одним из факторов, сдерживающих продуктивность сельскохозяйственного производства, является усиление вредоносности болезней растений и особенно бактериозов. Причина этого - передача бактериальных патогенов семенами и посадочным материалом, сложность правильной идентификации патогенов, отсутствие эффективных разрешенных бактерицидов и ограниченное число устойчивых к бактериозам сортов растений. В 2001-2008 гг. впервые в РФ был выделен новый бактериальный патоген злаков *Xanthomonas arboricola* (Vauterin et al, 1995), вызывающий поражение пшеницы, ржи, ячменя, овса. Симптомы болезней, вызываемых штаммами *X. arboricola* на этих растениях, не отличались от симптомов болезней, вызываемых специфичными представителями рода *Xanthomonas*. Для злаков они совпадали с симптомами черного бактериоза злаков (возб. *X. translucens*). Биохимические признаки выделенных из этих культур изолятов *X. arboricola* не отличались от типовых представителей этого вида. В основу контроля над новым патогеном должна лечь разработка новых методов идентификации, а так же поиск устойчивых сортов. В годы эпифитотий потери урожая на восприимчивых сортах могут превышать 40%. Ячмень поражается наиболее сильно, чуть меньше - рожь, пшеница и тритикале. Следует заметить, что исследования в области поиска устойчивых сортов практически не проводятся, а имеющиеся данные показывают отсутствие устойчивости злаков к штаммам *X. arboricola*. Таким образом не вызывает сомнений, что использование устойчивых сортов могло бы существенно снизить потери урожая от нового патогена, что необходимо учитывать при разработке систем защиты поражаемых *X. arboricola* злаков.

ИЗУЧЕНИЕ ОРГАНИЗАЦИИ ПРОФАЗНОГО ЯДРА У ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ГИБРИДОВ (ABDR, 4X=28) С РАЗЛИЧНЫМ ПАТТЕРНОМ МЕЙОТИЧЕСКОГО ДЕЛЕНИЯ

Логинова Д.Б.^{1,*}, Силкова О.Г.¹

¹ФГБНУ ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Российская Федерация, г. Новосибирск, пр. Лаврентьева 10.

* loginova@bionet.nsc.ru

У межродовых гибридов пшеницы отсутствует спаривание гомологичных хромосом, вследствие отсутствия гомологов, а благодаря активности *Ph*-генов подавляется спаривание негомологичных хромосом. Однако оба этих факта не приводят к остановке деления в силу отсутствия строгого пахитенного чекпоинта, что дает возможность изучать мейоз у полигаплоидных гибридов. Целью настоящего исследования было понять структурную и функциональную организацию ядер на стадии профаза I у пшенично-ржаных гибридов с различным генетическим фоном [1]. Сочетание иммуноокрашивания с антителами против ASY1, CENH3 с конфокальной микроскопией позволяет изучать динамику и организацию центромер. В контрольных растениях линий 1Rv(1A), 2R(2D), в лептотене в ядрах было обнаружено от 6 до 16 сигналов CENH3, в зиготене – 21 сигнал, начиная со стадии диплотена, в ядрах присутствовало 42 сигнала. Динамика и структура центромерных районов у гибридов 1Rv(1A)xR и 2R(2D)xR отличалась от нормы. На стадии лептотена количество сигналов CENH3 варьировало от 5 до 11, во время зиготены и в пахитене количество сигналов увеличивалось – от 23 до 27. Некоторые из сигналов CENH3 отличались по размеру (больше) и имели неправильную форму (в форме звезды), возможно, из-за комбинации нескольких центромер. Во время зиготены - пахитены наблюдалась различная степень конденсации центромер между отдельными хромосомами. В части мейоцитов компактизация CENH3 различалась значительно. Сочетание иммуноокрашивания с флуоресцентной *in situ* гибридизацией с зондами, комплементарными центромерным (bilby) и субтеломерным повторам (pSc200) ржи позволили более точно проследить динамику и организацию хромосом ржи в ядрах гибридов. В некоторых мейоцитах на стадии зиготены субтеломерные повторы формировали 2 плотных кластера вместо одного, что согласуется с данными, полученными ранее с использованием FISH с теломерными повторами TTTAGGG (неопубликованные данные).

[1] Silkova O.G., and Loginova D.B. Sister chromatid separation and monopolar spindle organization in the first meiosis as two mechanisms of unreduced gametes formation in wheat-rye hybrids // 2016, Plant Reprod., V.29(1-2), P.199-213.

Благодарности:

Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ 17-04-01014

ИЗУЧЕНИЕ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО ОЗИМОМУ СОРТУ БЕЗОСТАЯ 1 С КОМБИНАЦИЕЙ ДОМИНАНТНЫХ АЛЛЕЛЕЙ ЛОКУСОВ *VRN-1*

Чуманова Е.В.^{1,*}, Ефремова Т.Т.¹, Кручинина Ю.В.^{1,2}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», пр. акад. Лаврентьева, 10; ² Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский государственный аграрный университет», Россия, г. Новосибирск, ул. Добролюбова, 160.

* chumanova@bionet.nsc.ru

Гены чувствительности к яровизации (*VRN*) являются основными генетическими системами, определяющими продолжительность вегетационного периода мягкой пшеницы. К настоящему времени для локусов *VRN-1* описан ряд аллелей и разработаны аллель - специфичные праймеры, позволяющие проводить быструю идентификацию аллельного состава у сортов и линий. Установлено неодинаковое влияние различных аллелей локусов *VRN-1* на продолжительность вегетационного периода, однако недостаточно исследований, касающихся влияния комбинации различных аллелей на время колошения. Изучение влияния комбинаций аллелей *VRN-A1* и *VRN-B1* на длительность вегетационного периода представляет наибольший интерес для России и Западной Сибири в частности, поскольку тип развития большинства сортов, характерных для данной территории, определяется аллелями этих двух доминантных генов.

В рамках данной работы две почти изогенные линии по сорту Безостая 1 (i: Без1*Vrn-B1a* и i: Без1*Vrn-B1c*) были скрещены с изогенной линией i: Без1*Vrn-A1a*. С использованием известных аллель-специфичных праймеров для локусов *VRN-A1* и *VRN-B1* в поколении F₂ были получены гомозиготные растения с двумя доминантными аллелями *VRN-1*: *Vrn-A1a/Vrn-B1a* и *Vrn-A1a/Vrn-B1c*. На основе генетического расщепления гибридов F₂ с тестерными изогенными линиями подтверждено, что полученные линии несут два доминантных гена: *Vrn-A1* и *Vrn-B1*.

Была изучена продолжительность отдельных фаз развития у полученных линий в полевых условиях 2017 и 2018 гг. Линии с комбинацией двух аллелей выколащивались за 40-41 день, что в среднем на 2 дня меньше по сравнению с изогенной линией с аллелем *Vrn-A1a*, и достоверно меньше по сравнению с изогенными линиями i: Без1 *Vrn-B1a* (на 9-10 дней, p≤0,01) и i: Без1 *Vrn-B1c* (на 5-10 дней, p≤0,05-0,01) соответственно. Различия по продолжительности периода «всходы-колошение» были связаны с уменьшением продолжительности периода от всходов до формирования первого узла, который является ключевым этапом, определяющим в итоге продолжительность вегетационного периода. Так, у полученных линий данный период был короче в среднем на 2 дня по сравнению с изогенной линией с аллелем *Vrn-A1a*, а по сравнению с изогенными линиями i:Без1 *Vrn-B1a* и i:Без1 *Vrn-B1c* – на 9 и 7-8 дней соответственно (p≤0,001).

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 18-34-00146 мол_а и бюджетного проекта 0324-2018-0018.

Сессия 5 Качество и безопасность зерна всех направлений использования

Session V High quality and safe cereals for food, feed and processing use

SCREENING OF GRAIN CROPS IN THE SEARCH AND BREEDING OF RAW MATERIALS FOR FUNCTIONAL NUTRITION

Abugalieva A.I¹., Savin T.V².

¹Kazakh Scientific Research Institute of Agriculture and Plant Growing, Kazakhstan, Almalybak

²Karabalyk Experimental Agricultural Station, Kazakhstan, Karabalyk

e-mail: kiz_abugalieva@mail.ru

Wheat gene pool (wild relatives, modern varieties, spring, winter and optional introgressive forms), barley (*H.spontaneum*, varieties, treasury collections, USA, 50 in diaper and bare seeds), oats, analyzed and classified by mineral composition grains (N, P, K, Ca, Mg, Mn, S, Fe, Zn, Al, Cu, Cd). Biofortification genotypes (Fe, Zn) for wheat with the participation of wild relatives were identified.

The genotypes of wheat, barley, oat triticale are differentiated by the composition and ratio of protein fractions and components according to the degree of digestibility and allergic sensitivity. (Variety Kazakhstanskaya-10 and its hybrids with a null allele for A-gliadin); the amount and quality of starch is high amylose triticale form (> 43-45% amylose in grain); content β-glucan and arabinoxylan; fatty acid composition (oats, soybeans, corn)

The genetic resources are used for molecular genetic mapping and fixing uniformity using DH methods. In breeding material for healthy food.

STUDYING OF THE MOLECULAR-GENETIC CONTROL OF POLYPHENOLIC PIGMENTATION IN WHEAT AND BARLEY AS A BASIS FOR BREEDING ANTIOXIDANT-RICH CEREALS

Shoeva O.Yu.^{1*}, Gordeeva E.I.¹, Kukoeva T.V.¹, Strygina K.V.¹, Vikhorev A.V.¹, Glagoleva A.Yu.¹, Shmakov N.A.¹, Levanova N.M.^{1,2}, Mursalimov S.R.¹, Yudina R.S.¹, Börner A.³, Khlestkina E.K.^{1,2,4}

¹*Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;* ²*Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia;* ³*Leibnitz-Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany;* ⁴*N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Saint Petersburg, Russia*

Plant polyphenols have pronounced antioxidant properties. These compounds play important functions, associated with regulation of growth and development, as well as adaptation under stress. Due to convincing data on their benefits for the prevention of certain human diseases, there is a steady tendency to saturate food by these compounds and its inclusion in the daily diet. Particular attention in this aspect is payed to the breeding new varieties of cereals with a high content of polyphenolic compounds in grain [1], which is not possible without knowledge of the molecular genetic control of their biosynthesis. Polyphenolic compounds that increase antioxidant status of cereal grains include anthocyanin and melanin pigments. Anthocyanins, synthesized in pericarp and aleurone layer, impart a purple and blue color to grain, respectively. Melanin pigments accumulate in lemma and pericarp of grain, giving a brown-black color to barley spike.

The purpose of this study was to characterize the genes responsible for synthesis of anthocyanin pigments in wheat and barley grain, as well as melanin pigments in barley spike and to determine the features of their genetic regulation.

As a results, the regulatory genes that control synthesis of anthocyanin pigments in wheat and barley grain, as well as vegetative organs were identified and characterized in details, and alleles of the genes that determine phenotypic differences in pigmentation were identified. Key genes controlling the synthesis of melanins in spike of barley were established. Using near isogenic lines with different combinations of dominant and recessive alleles of the regulatory genes, the features of the anthocyanins synthesis regulation in wheat and barley were determined.

The data obtained represent a basis for development of a breeding scheme for accelerated creation of new forms of cereals with increased anthocyanin content in grain.

[1]. Dwivedi S.L. et al., Exploiting phenylpropanoid derivatives to enhance the nutraceutical values of cereals and legumes. // 2016, Front. Plant Sci. 7:763. doi:10.3389/fpls.2016.00763.

Acknowledgments: the study of anthocyanin synthesis in wheat was partially supported by RFBR (19-016-00140), the study of anthocyanin synthesis in barley was partially supported by RFBR (18-416-543007), and the study of melanin pigmentation of barley was partially supported by RSF (16-14-00086).

Сессия 6 Молекулярная и геномная селекция зерновых культур

Session VI Molecular Breeding and Genomic selection of small grains

PLANT BREEDING IN THE 21ST CENTURY: MOLECULAR BREEDING AND HIGH THROUGHPUT PHENOTYPING

Sorrells, M.E.

*Cornell University, USA, Ithaca, NY, 240 Emerson Hall
mes12@cornell.edu*

The discipline of plant breeding is experiencing a renaissance impacting crop improvement as a result of new technologies, however fundamental questions remain for predicting the phenotype and how the environment and genetics shape it. Inexpensive DNA sequencing, genotyping, new statistical methods, high throughput phenotyping and gene-editing are revolutionizing breeding methods and strategies for improving both quantitative and qualitative traits. Genomic selection (GS) models use genome-wide markers to predict performance for both phenotyped and non-phenotyped individuals. Aerial and ground imaging systems generate data on correlated traits such as canopy temperature and normalized difference vegetative index that can be combined with genotypes in multivariate models to further increase prediction accuracy and reduce the cost of advanced trials with limited replication in time and space. Design of a GS training population is crucial to the accuracy of prediction models and can be affected by many factors including population structure and composition. Prediction models can incorporate performance over multiple environments and assess GxE effects to identify a highly predictive subset of environments. We have developed a methodology for analyzing unbalanced datasets using genome-wide marker effects to group environments and identify outlier environments. Environmental covariates can be identified using a crop model and used in a GS model to predict GxE in unobserved environments and to predict performance in climate change scenarios. These new tools and knowledge challenge the plant breeder to ask the right questions and choose the tools that are appropriate for their crop and target traits. Contemporary plant breeding requires teams of people with expertise in genetics, phenotyping and statistics to improve efficiency and increase prediction accuracy in terms of genotypes, experimental design and environment sampling.

GENOMICS-BASED BREEDING OF HYBRID RYE (*SECALE CEREALE*)

Miedaner T.^{1,*}, Wilde, P.², Korzun, V.²

¹*University of Hohenheim, State Plant Breeding Institute, Fruwirthstr. 21, 70599 Stuttgart, Germany;*

²*KWS LOCHOW, F.v.Lochow-Str. 5, 29303 Bergen, Germany*

* *miedaner@uni-hohenheim.de*

Winter rye (*Secale cereale* L.) is an important cereal crop in Russia, Germany, Poland, Finno-Scandinavia, Belarus, Ukraine, and Spain with 3.6 million hectares grown in total in Europe. Rye is a cross-pollinating crop with a strong self-incompatibility system and traditionally bred as population variety. Hybrid rye breeding is based on self-fertility, cytoplasmic-male sterility (CMS) together with nuclear pollen-fertility restorer genes and two genetically non-related heterotic pools [1]. The initial development of hybrid rye depended on genetic resources, that is, the CMS system from Argentinean landraces, restorer genes from Iran and Argentina, and rust resistance genes from Russia [2]. Today, about 70-80% of the rye acreage in Germany is planted by hybrid cultivars. They show generally a yield advantage of 15-20% over population cultivars and a considerably higher selection gain for grain yield (0.77 vs. 0.24 dt ha⁻¹ yr⁻¹) as revealed from results of the German statutory trials across 26 years [1]. Genomic tools in rye developed only recently caused by the low international recognition of this crop. Today, genotyping-by-sequencing (GBS) data and medium to high-density single nucleotide polymorphism (SNP) assays are available for rye. Based on these genomic resources dense genetic maps are available. A first draft genome sequence of rye was generated through extensive whole-genome shotgun sequencing [3]. The first high quality full sequence of the rye genome is expected in 2019. The advance of genomic resources in rye allowed to uncover the genetic architecture of qualitative and quantitative traits by gene/QTL mapping, to achieve a balanced introgression of small genome segments from plant genetic resources, and to introduce genomic selection (GS) into the breeding process. GS accuracy, however, greatly relies on relatedness among training and test populations and a regular re-calibration is necessary, especially when introducing new parental lineages or even new source populations. The latter is pivotal to safeguard a large genetic variation for all quantitative traits under selection. Genomics-based breeding will accelerate the integration of new complex inherited traits in future, like drought tolerance or feeding quality, in the breeding progress.

[1]. Miedaner T., Laidig F. Hybrid breeding in rye (*Secale cereale* L.). // 2019. In: J.M. Al-Khayri et al. (eds), *Advances in Plant Breeding Strategies, Vol 5: Cereals and Legumes*. Springer International Publishing Switzerland (In Press).

[2]. Miedaner T., Wilde P. Selection strategies for disease-resistant hybrid rye. // 2019. In: Ordon F., Friedt W. (eds), *Advances in Crop Breeding*, Burleigh Dodds Science Publishing, Cambridge, UK. ISBN: 978-1-78676-2443 (In Press).

[3]. Miedaner T., Korzun V, Bauer E. Genomics-based hybrid rye breeding. // 2018. In: Miedaner T., Korzun V (eds), *Applications of Genetic and Genomic Research in Small-Grain Cereals*, pp. 329-348. Elsevier, Amsterdam, NL. ISBN: 9780081021637.

ГЕНОМИКА И МОЛЕКУЛЯРНАЯ СЕЛЕКЦИЯ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР

В.Н. Корзун

*KWS, Айнбек, Германия, www.kws.com
viktor.korzun@kws.com*

Пер. с англ.: «Если какой-либо ученый заслуживает посмертной нобелевской премии, то это, конечно, Николай Иванович Вавилов» (D.J. Murphy - «People, Plants and Genes» (Oxford University Press, 2007. - p. 57)

В начале XXI века человечество сталкивается со сложной проблемой надежного обеспечения достаточного количества продовольствия для растущего населения на фоне сокращения земельных ресурсов и меняющегося климата. В этом контексте геномика и особенно связанные с ней молекулярно-генетические технологии играют важную роль в создании новых сортов, лучше приспособленных для решения этих проблем. В течение последнего десятилетия технология молекулярных маркеров предоставила широкий спектр новаторских подходов для улучшения выбора оптимальной для конкретных условий стратегии, а также быстрого расширения высокопроизводительных методов современной селекции.

Наличие новых молекулярных инструментов и технологий позволяет оказывать значительное влияние на планирование и развитие важнейших элементов селекции, необходимых для ускорения этого процесса. Связанный с успешной селекцией мониторинг генетического разнообразия, целевое использование генетических ресурсов растений, примеры конкретных, успешных применений молекулярных маркеров в селекции злаковых культур, потенциал геномной селекции и применение геномики и генной инженерии в селекции зерновых культур будут представлены и обсуждены.

Сессия 7 Будущие вызовы и инновации Session VII Future challenges and innovations

THE GENETIC ARCHITECTURE OF GRAIN-YEALD HETEROSIS IN WHEAT

Reif J.C.^{1,*}

¹ Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Seeland OT Gatersleben, Germany
* reif@ipk-gatersleben.de

Increasing wheat yield is a key global challenge to producing sufficient food for a growing human population [1]. Wheat grain yield can be boosted by exploiting heterosis, the superior performance of hybrids compared with midparents. A tailored quantitative genetic framework was developed which facilitates to study the genetic basis of midparent heterosis in hybrid populations derived from crosses among diverse parents. This framework was applied to four extensive wheat data sets assembled for winter wheat differing in the degree of divergence between parents. Midparent heterosis was significantly lower in the “Exotic” set including crosses between elite and exotic lines than in the “Elite” panel comprising crosses among elite lines. The genome-wide association mapping analysis revealed that this reduction in heterosis was like caused by a higher portion of negative dominance and dominance-by-dominance epistatic effects in the “Exotic” than in “Elite” hybrids. These findings give first hints on the optimum design of heterotic patterns in hybrid wheat breeding.

[1]. Jiang, Y. R. Schmidt, Y. Zhao, and J.C. Reif. 2017. A quantitative genetic framework highlights the role of epistatic effects for grain-yield heterosis in bread wheat. Nat Genet. 2017 Dec;49(12):1741-1746.

Acknowledgements: This work was funded by BMEL through BLE within the “ZUCHTWERT” project (Grant ID: 2814604113). We thank GFPI and proWeizen for project coordination.

SPEED BREEDING: A POWERFUL TOOL TO ACCELERATE WHEAT RESEARCH AND BREEDING

Hickey L.T.^{1,*}, Watson A.¹, Ghosh S.², Hayes B.¹, Voss-Fels K.¹, Godwin I.D.¹, Wulff B.B.H.²,

¹*Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, The University of Queensland, Brisbane, QLD, Australia;* ²*John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, UK*

* l.hickey@uq.edu.au

The growing human population and a changing environment have raised significant concern for global food security, with the current improvement rate of several important crops inadequate to meet future demand. This slow improvement rate is attributed partly to the long generation times of crop plants. ‘Speed breeding’ greatly shortens generation time and accelerates breeding and research programmes. Speed breeding can be used to achieve up to 6 generations per year for major crops such as spring wheat, durum wheat, barley, chickpea, lentil and pea, instead of 2-3 under normal glasshouse conditions. In 2018, the technology was in the spotlight, featuring on the covers of *Nature Plants* [1] and *Nature Protocols* [2], and gained widespread media attention. In this presentation, we highlight innovative wheat breeding strategies that integrate ‘speed breeding’ with other modern breeding technologies, including genome editing and genomic selection. Using simulations based on real wheat data sets we exemplify how a combination of genomic selection and speed breeding can substantially reduce the length of the wheat breeding cycle and maximise genetic gain per unit time. We outline the opportunities and challenges associated with the fusion of these breeding tools to achieve sustainable long-term genetic gain.

[1]. Watson A., Ghosh S., Williams M., Cuddy W.S., Simmonds J., Rey. M.D., Hatta M.A.M., Hinchliffe A., Steed A., Reynolds D., Adamski N., Breakspear A., Korolev A., Rayner T., Dixon L.E., Riaz A., Martin W., Ryan M., Edwards D., Batley J., Raman H., Carter J., Rogers C., Domoney C., Moore G., Harwood W., Nicholson P., Dieters M.J., DeLacy I.H., Zhou J., Uauy C., Boden S.A., Park R.F., Wulff B.B.H., Hickey L.T., Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. // 2018, *Nat. Plants*, V.4, P.23–29

[2]. Ghosh S., Watson A., Gonzalez-Navarro O.E., Ramirez-Gonzalez R.H., Yanes L., Mendoza-Suárez M., Simmonds J., Wells R., Rayner T., Green P., Hafeez A., Hayta S., Melton R.E., Steed A., Sarkar A., Carter J., Perkins L., Lord J., Tester M., Osbourn A., Moscou M.J., Nicholson P., Harwood W., Martin C., Domoney C., Uauy C., Hazard B., Wulff B.B.H., Hickey L.T., Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. // 2018, *Nat. Protocols*, V.13, P.2944–2963

Сессия 8 Крупные проекты сотрудничества на национальном и международном уровнях

Session VIII National and International large collaborative projects

TRANSLATIONAL GENOMICS FOR CROP IMPROVEMENT: EXPERIENCES AT ICRISAT

Rajeev K. Varshney

Center of Excellence in Genomics & Systems Biology (CEGSB), Global Research Program- Genetic Gains, International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), Patancheru-502324, India

* *r.k.varshney@cgiar.org*

Although crop improvement programs have made excellent progress in enhancing crop productivity and production, there is still a huge scope to fill the yield gap for majority of crops especially dryland crops in developing countries. Genomics-assisted breeding can help enhancing crop productivity as well as nutrition in many dryland crops. However, until recently, majority of the dryland crops have remained untouched with genomics revolution. Two key reasons for this situation include engagement of only few institutes and availability of limited resources at international level for research and development in these crops. With an objective to address these issues, the Center of Excellence in Genomics and Systems Biology (CEGSB) at International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) floated several multi-institutional consortia. As a result of collaborative efforts from such strong partnership, a large number of genomic resources including genome assemblies for 11 crops have been developed and several improved lines have been developed through molecular breeding. In brief, translational genomics approach has transformed the so-called ‘orphan crops’ to ‘genomic resources-rich crops’ and contributed to develop several improved lines in dryland crops. This presentation will present experiences of CEGSB- ICRISAT and its partners in translational genomics for developing improved varieties with higher yield and better nutrition in dryland crops in developing countries.

BREEDWHEAT: BREEDING FOR SUSTAINABLE WHEAT VARIETIES, AN INTERGRATED PROJECT FROM GENOMICS TO SELECTION

Paux E. (on behalf of the BreedWheat Consortium)

*UMR1095 INRA-UCA, France, Clermont-Ferrand
etienne.paux@inra.fr*

The challenge for wheat breeding is to deliver safe, high-quality, and health-promoting food and feed in a sustainable manner across environments affected by global change. In that context, the BreedWheat project gathers 27 public and private partners in research and breeding to ensure that the knowledge, resources, and methods are translated rapidly into products and varieties. BreedWheat aims at producing a sequence-based tool box from the wheat genome that will enable a breakthrough in marker development and mapping, and combine this with a large and ambitious phenotyping program to (1) decipher the genetic and ecophysiological basis of abiotic and biotic stress tolerance, yield components, and quality by large scale association genetics studies; (2) expand and facilitate the use of original genetic resources to increase allelic variability in the elite wheat gene pool; (3) evaluate and integrate new and innovative breeding methods to select improved bread wheat varieties that meet the needs of breeders, growers, and consumers thereby enabling a competitive and sustainable wheat production in France; and (4) provide new bioinformatics tools and databases to efficiently perform association genetics studies and disseminate the results of the project to scientists, breeders, growers, and consumers. An overview of the project will be presented, with an emphasis on some of the results, including the high-density TaBW280K and low-density TaBW35K SNP arrays [1], as well as the characterization of the worldwide wheat genetic diversity [2].

[1]. Rimbert H. et al., High throughput SNP discovery and genotyping in hexaploid wheat. // 2018, PLoS ONE, V.13, P. e0186329.

[2]. Balfourier F., Bouchet S. et al., Worldwide phylogeography and history of wheat genetic diversity. // 2019, BioRXiv.

Acknowledgements: The research leading to these results have received funding from the French Government managed by the Research National Agency (ANR) under the Investment for the Future programme (BreedWheat project ANR-10-BTBR-03), from FranceAgriMer, French Funds to support Plant Breeding (FSOV), from Région Auvergne and from INRA. RDO was funded by a grant from the French Ministry for Research.

MARKER-TRAIT ASSOCIATIONS IN SPRING WHEAT GENETIC PANELS STUDIED IN KAZAKHSTAN

Turuspekov Y.^{1*}, Amalova A.¹, Genievskaya Y.¹, Abdikhalyk A., Babkenov A.², Rsaliyev A.³,
Abugalieva S.¹

¹*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*

²*Barayev Research and Production Center of Grain Farming, Shortandy, Kazakhstan*

³*The Research Institute for Biological Safety Problems, Otar, Kazakhstan*

* *yerlant@yahoo.com*

Spring wheat is the largest agricultural crop grown in Kazakhstan with an annual sowing area of 12 million hectares in 2018. Annually, the country harvests around 15 million tons of high quality grain. Despite environmental stress factors, it is predicted that the use of new technologies may lead to increases in productivity from current levels of 1.5 to up to 3 tons per hectare. One way of improving wheat productivity is by the application of new genomic oriented approaches in plant breeding projects. In this study, phenotyping and genotyping data on spring wheat accessions from Kazakhstan, Russia, and Europe were assessed for the identification of marker-trait associations (MTA) of agronomic traits by using genome-wide association study (GWAS) and two bi-parental mapping populations (BPMP).

Field trials in Northern, South and South-eastern regions of Kazakhstan using GWAS and BPMP revealed strong correlations of yield with booting date, plant height, biomass, number of spikes per plant, and number of kernels per spike. The genetic variation in the three groups of accessions was further studied using 3245 polymorphic SNP (single nucleotide polymorphism) markers. The application of Principal Coordinate analysis clearly grouped the 194 accessions into three clades according to their breeding origins. GWAS and BPMP approaches from two field trials allowed the identification of MTAs for 12 different agronomic traits, associated with plant adaptation, yield-related components, and disease resistance.

Field evaluation of foreign germplasm revealed its poor yield performance in Northern Kazakhstan, which is the main wheat growing region in the country. However, it was found that EU germplasm has high breeding potential to improve yield performance in South and South-eastern regions. The study identifies a group of key quantitative trait loci for improvement of yield productivity in three wheat growing regions of Kazakhstan.

Acknowledgements: This work was supported by projects 0118PK01352 and 0118PK01308 in scientific and technical programs of Kazakhstan BR06249219 and BR06249329 (2018-2020 years), respectively.

Тезисы конференции Conference abstracts



РЕЗУЛЬТАТЫ ИЗУЧЕНИЯ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ ПО УРОЖАЙНОСТИ И КАЧЕСТВУ ЗЕРНА

Абделькави Р.Н.Ф.

*Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Россия, г.
Москва, ул. Тимирязевская, д. 49
dr.ratynabil@mail.ru*

Тритикале сочетает в себе потенциал урожайности, качества зерна пшеницы с болезнями и устойчивостью к воздействию окружающей среды. Испытания генотипов яровой тритикале на Полевой опытной станции РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева в 2017 и 2018 гг. Анализ урожайности изучаемых образцов показал, что в целом образцы имели сравнительно высокий показатель – до 606 г/м², что соответствует урожайности 60,6 ц/га. Урожайность сильно варьировала в зависимости от года исследований. 2017 г. характеризовался благоприятными погодно-климатическими условиями, что позволило сформировать высокий потенциал урожайности. Статистически достоверное превышение по урожайности в 2017 г. показали сорт Dublet (606 г/м²) и линия 131/1656 (546 г/м²). В 2018 г. все образцы показали урожайность на уровне Укро стандарта кроме сортов Гребешок (383 г/м²), Ярило (377 г/м²), Памяти Мережко (380 г/м²), а также линий 131/714, (390 г/м²), 6-35-5 (377 г/м²). Следует отметить, что сортообразцы 131/7, С238, 6-35-5, ПЛ-13-5-13 и П2-16-20 стабильно на протяжении обоих лет изучения имели урожайность на уровне стандарта.

Условия вегетационного периода 2017 г. были менее благоприятными для формирования белка и клейковины, чем 2018 г. В 2017 г. сорт Лана и линия П2-13-5-2 имели содержание белка 13,8% и 13,5% соответственно, что статистически достоверно выше, чем у стандарта – сорта Укро. Содержание белка в зерне выше 16,6% в 2018 г. было отмечено у образцов: Ярило, Лана, Л8665, П2-13-5-2, П2-16-20. По содержанию клейковины сорт Лана и линии 131/7, П2-13-5-2 в 2017 г. достоверно превысили стандарт – сорт Укро. В 2018 г. все изученные сортообразцы достоверно превысили стандарт, кроме сортов Ульяна, Хлебодар харьковский, Dublet. Показана высокая положительная взаимосвязь между содержанием белка и содержанием клейковины ($r=0,95$). В ходе исследований установлена отрицательная связь между содержанием белка и урожайностью, содержанием клейковины и урожайностью ($r=-0,54$, $r=-0,61$ соответственно).

Анализ числа падения показал, что все изученные сортообразцы имели низкие значения этого показателя в оба года исследования, кроме сорта Хлебодар харьковский в 2018 г. (201секунд), и находился в пределах 45-129,7 секунд.

В результате проведенных исследований дана характеристика сортов и селекционных образцов по показателям урожайности и качества зерна, а также выделены образцы для дальнейшей селекционной работы по созданию форм яровой тритикале с высокими хлебопекарными качествами.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИВЕРГЕНЦИЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ФУЗАРИОЗУ КОЛОСА У СОРТОВ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ, СОЗДАННЫХ В НАЦИОНАЛЬНОМ ЦЕНТРЕ ЗЕРНА ИМ. П.П. ЛУКЬЯНЕНКО

Аблова И.Б.*¹, Тархов, А.С., Беспалова Л.А., Боровик А.Н.

ФГБНУ «НЦЗ им. П.П. Лукьяненко», Россия, г. Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная
усадьба КНИССХ
ablova@mail.ru

Фузариоз колоса (ФК) – широко распространенное вредоносное заболевание пшеницы во всем мире, в том числе и в России, особенно в основных зернопроизводящих регионах – ЮФО и СКФО. Эпифитотийное развитие фузариоза пшеницы на Северном Кавказе, в том числе в Краснодарском крае, за последние 40 лет наблюдали в 1988, 1992, 1993, 2016, 2017 гг. Для оптимизации фитосанитарного состояния особую значимость приобретает проблема насыщения агрофитоценозов фузариозустойчивыми сортами.

Создание резистентных сортов осложняют широкая специализация грибов р. *Fusarium* - возбудителей болезни; узкая генетическая основа резистентности; множественность типов устойчивости и механизмов защиты растений и др. Устойчивость к ФК относительная, неспецифического типа – это полигенный признак, филогенетически нестабильный, сильно зависящий от условий среды и др.

Многолетний скрининг по внешне видимым признакам поражения колоса и зерна в условиях искусственного инфекционного фона *F. graminearum* позволил установить генетическую дивергенцию у сортов озимой пшеницы, дифференцировать их на кластеры согласно реакции на заражение. В настоящее время среди современного сортимента на долю устойчивых и умеренно устойчивых к ФК сортов приходится 30,7% от общего количества. Следует отметить, что степень поражения относительно устойчивых сортов варьирует по годам даже при искусственном заражении, в зависимости от погодной ситуации. Так, например, сорт Память – стандарт по резистентности к болезни, за 14 лет изучения на искусственном инфекционном фоне 2 раза находился в группе устойчивых, 9 – умеренно устойчивых, 2 - умеренно восприимчивых, 1 - восприимчивых. Умеренно устойчивый сорт Таня за такой же период изучения 1 раз был включен в кластер устойчивых, 6 – умеренно устойчивых, 5 – умеренно восприимчивых и 2 - восприимчивых.

Кроме традиционной визуальной и микологической оценки зараженности колоса и зерна фузариевыми грибами в лаборатории микологии и фитопатологии им. А.А. Ячевского ВИЗР определяли содержание ДНК грибов р. *Fusarium* и микотоксинов в зерне 17 сортов озимой пшеницы, созданных в НЦЗ им. П.П. Лукьяненко. Установлено, что среди исследованных сортов Адель является высоко устойчивым сортом как к заражению грибами р. *Fusarium*, так и к накоплению микотоксинов, образуемых этими патогенами [1]. В Краснодарском крае он ежегодно занимает 60-110 тыс. га, широко возделывается в Ставропольском крае, республиках Северного Кавказа.

Литература

[1]. Гагкаева Т.Ю., Орина А.С., Гавrilова О.П., Аблова И.Б., Беспалова Л.А. Характеристика сортов озимой пшеницы по устойчивости к фузариозу зерна // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – Т. 22. – № 6. – С.685-692.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ В СОЗДАНИИ АДАПТИВНЫХ СОРТОВ, ОБЛАДАЮЩИХ ОДНОРОДНОСТЬЮ И СВОЙСТВАМИ СЫРЬЯ КОНКРЕТНОГО ТИПА ПЕРЕРАБОТКИ

Абугалиева А.И.

*Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства, Казахстан,
Алмалыбак
kiz_abugalieva@mail.ru*

На основе скрининга ресурсного материала зерновых в процессе вегетации по фенологическим fazam развития растений и фиксацией абиотического стресса методом NDVI на поливе и бояре выделены источники засухоустойчивости, устойчивости к болезням и общей продуктивности зерна по 6 культурам: пшеница на основе межродовых и межвидовых гибридов; дигаплоиды; ячмень, голозерный овес; сорго кормовое и пищевое, соя скороспелая. Минеральный состав зерна позволил оценить метаболический потенциал.

По максимальным значениям выделены виды *T.kiharae* (*N, Mg, Mn, Fe, Zn*), *T.militinae* (*N, P, S*); *T.comactum* (*K, Zn*) *T.petropavlovskye* (*Mn, Fe, Zn*); а среди интровергессивных форм: Казахстанская 10 x *T.dicoccum* (*K, P, Ca, Mg*); Казахстанская 10 x *T.timopheevii* (*N, S, Fe, Zn, Mg, Mn*); Казахстанская раннеспелая x *T.timopheevii* (*Fe, S*); Жетысу x *T.militinae* (*Ca, Fe, Zn* и *Mn*). Выделенные по максимальному содержанию протеина виды *T.militinae* и *T.kiharae* отличаются повышенным содержанием альбумино-глобулиновой (34,2-35,7%) фракции (24,1-31,5%) дополнительно к повышению глиадиновой у большинства видов в зерне *T.dicoccoidea* (38,9-40,5%) и *T.timopheevii* (33,7-36,6%), *T.dicoccum* (34,5-36,4%) и *Ae.cylindrica*.

Интровергессивные формы яровой мягкой пшеницы пригодны для хлебопекарного технологического типа использования с прогнозированием уровня класса качества «филер» и «ценная». Максимальной смесительной ценностью характеризовались генотипы: 6583 x *T.timopheevii* (с), 6625 x *T.timopheevii* (с) и Казахстанская 10 x *T.dicoccum* (с).

По результатам программы созданы сорта: а) с участием гермоплазмы диких сродичей: «Дива»; «Умай»; сорт яровой мягкой пшеницы «Тим-Бидай»; «Гунтикум»; «ВЕК»; б) на уровне дигаплоидных линий (ДГЛ) «ДГЛ KZ 19»; «ДГЛ AST»; «ДГЛ KZR» и сомаклональных линии скороспелого сорта сои «Русия»; в) однородные сорта ячменя кормового «Шахристан»; «Шапагат-16»; и пивоваренного «Шашбаулы»; г) голозерного овса «Сыргаулы»; д) сорго зерновое «КизИнд» и сахарное «КазИнд».

Данная работа была выполнена при поддержке МСХ РК по ПЦФ О.0722 «Создание и внедрение сортов зерновых с генетически идентифицированными стресс-индикаторными свойствами на основе молекулярной селекции, геномики и биотехнологии (биохимии) для эффективного использования биоклиматического и почвенного потенциала страны».

ЭФФЕКТИВНОСТЬ МОЛЕКУЛЯРНОГО ОТБОРА ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ

Агаева Е.В.*[,] Беспалова Л.А., Давоян Э.Р., Агаев Р.А

*ФГБНУ «НЦЗ им.П.П.Лукьяненко», Россия, г.Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба
КНИИСХ
* lena.agaeva.69@bk.ru*

Применение ДНК-маркеров выводит селекцию сельскохозяйственных растений на качественно новый уровень, позволяя оценивать генотипы напрямую, а не через фенотипические проявления, что, в конечном счете, реализуется в создании сортов и гибридов, обладающих комплексом ценных признаков, ускоренными темпами. Особое значение приобретают гены или комплексы генов, знание которых обеспечит селекционеру существенную помощь в манипулировании различными количественными и качественными признаками и позволит более тщательно вести процесс отбора и отслеживать генетическую чистоту линий [1].

Одним из важнейших качеств новых адаптивных сортов озимой пшеницы является устойчивость к различным заболеваниям, в частности к бурой ржавчине. Для переноса генов устойчивости к этому патогену созданы селекционные линии с единичными или «пирамидами» эффективных генов Lr 26, Lr 37, Lr 9, Lr 19, Lr24. Перспективные линии, аналоги сортов Гром, Таня, Алексеич изучались в конкурсном сортоиспытании (КСИ) по четырем предшественникам (занятой пар, кукуруза на зерно, подсолнечник и озимая пшеница). Все 49 линий относятся к полукарликовому типу, их высота не превышает 90 см. Они различаются по уровню морозостойкости от слабой до высокой. Экспрес - анализ качества показал высокое содержание сырого протеина и клейковины в зерне (14,4% и 26,4% соответственно) и натуру - более 800г/л.

Урожайность линий с геном устойчивости Lr 37 в среднем по 4-м предшественникам составила 9,16 т/га. Линии с геном Lr 24 сформировали 9,33т/га, а линии с комплексами генов устойчивости Lr 37+9 и Lr 19+9 уступили им, показав урожай 9,14 и 9,0 т/га. К сожалению новым линиям с эффективными генами устойчивости пока не удалось превысить высокоурожайные сорта – стандарты Гром(9,52т/га), Таня(9,72т/га) и Алексеич (10,96т/га).

Эти результаты позволяют предположить, что введение в адаптированный генофонд нового гена или аллели изменяет внутренний гомеостаз генотипа и поэтому необходимы дополнительные ступени селекции.

ОПТИМИЗАЦИЯ ГАПЛОИДНОЙ БИОТЕХНОЛОГИИ ТРИТИКАЛЕ

Акинина В.Н. *, Хомякова О.В., Дьячук Т.И., Поминов А.В., Кибкало И.А.

ФГБНУ «НИИСХ Юго-Востока», Россия, Саратов, ул. Тулайкова, д.7.

* akinina_victoria@mail.ru

Среди различных биотехнологий, основанных на культивировании клеток и тканей растений *in vitro*, в селекционной практике наиболее востребованы гаплоидные. С их использованием в мире создано около 300 сортов экономически значимых сельскохозяйственных культур, 150 из которых принадлежат представителям семейства *Poaceae*, и их число постоянно увеличивается. Большинство полученных сортов принадлежат пшенице, рису и ячменю. Гаплоидия менее востребована в селекционных программах тритикале, прежде всего, из-за высокой частоты формирования нежизнеспособных альбиносных растений.

Оптимизация гаплоидной биотехнологии может проводиться с использованием различных приемов – изменением условий выращивания донорных растений, воздействий стрессами на начальные этапы культивирования пыльников, изменением состава питательных сред. Выявлено и цитологически доказано, что предобработка колосьев донорных растений пониженными положительными температурами не является триггером спорофитного развития микроспор – оно происходит и в пыльников колосьев, не подвергавшихся действию этого стресса. Очевидно, само удаление колосьев с донорного растения является стрессом, который в сочетании с условиями культивирования пыльников *in vitro* без других воздействий может вызывать репрессию гаметофитных генов и переключение программы на спорофитный путь развития.

Показана эффективность замены сахарозы на мальтозу в составе индукционных питательных сред, что привело к увеличению частоты регенерации зеленых растений у этого вида. Изучение влияния азотокислого серебра на основные параметры гаплопродукции выявило его положительный эффект на выход новообразований и регенерацию зеленых растений в концентрации 5-10 мг/л. При явно выраженной генотипической зависимости влияния AgNO₃ на основные этапы андрогенеза *in vitro*, не обнаружено его негативного влияния ни у одного из изученных генотипов.

Для сохранения стерильных гаплоидных растений разработан метод микроклонального размножения, включающий культивирование незрелых колосьев *in vitro*. Культивирование сегментов колосьев на 5-6 этапе органогенеза позволяет снижать генотипическую зависимость формирования эмбриогенного каллуса и регенерации растений. Это позволяет получать достаточное число клонов одного генотипа для удвоения числа хромосом и сохранения уникальных генотипов. Оптимизированная гаплоидная биотехнология является эффективной для ее использования в селекции тритикале.

СОЗДАНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ РИСА

Аксенов А.В.*¹, Костылев П.И., Краснова Е.В.

ФГБНУ «АНЦ «Донской», Россия, Зерноград, Научный городок, 3

* aleksandraksenov774@gmail.com

Выведение засухоустойчивых высокоурожайных сортов имеет большое значение, поскольку на юге России значительные площади подвержены засухе и в отдельные годы воды на рисовых оросительных системах не хватает. Цель этого эксперимента состояла в использовании источников засухоустойчивости для переноса гена DR (drought-resistant) на генетическую основу реципиентных родительских сортов Раздольный, Боярин и Командор.

С развитием современной молекулярной биологии, молекулярной генетики и функциональной геномики гены DR получают все больше внимания. Для идентификации генов широко используются два подхода.

Первый – основанная на картировании идентификация генов при анализе гибридных популяций от скрещивания устойчивых и чувствительных к засухе родительских форм на двух фонах увлажнения и генотипирование с помощью молекулярных маркеров. Анализ связей приводит к идентификации генов засухоустойчивости (QTL) [1].

Второй – создание и скрининг засухоустойчивых мутантов. На основании показателей DR и изменений последовательности генов идентифицируются гены-кандидаты и проводится их функциональная проверка. В настоящее время существует большое количество сообщений о DR генах/QTL и сцепленных молекулярных маркерах [2]. Ген засухоустойчивости был интродуцирован в новые селекционные линии.

В лаборатории риса АНЦ «Донской» была изучена коллекция ВИР, из которой выделены суходольные формы, устойчивые к дефициту влаги: Чан-Чунь-Ман, Дин Сян, Суходольный, Белый СКОМС Ан-Юн-Хо, Золотые всходы, Контро, Хун-Мо, Маловодотребовательный, Н-561. От их скрещивания с сортами донской селекции Раздольный, Боярин и Командор получены гибриды по 28 комбинациям скрещивания и линии риса, пригодные для выращивания в условиях периодического орошения. После многократных отборов рекомбинантных форм лучшие линии были оценены в контролльном питомнике. Их урожайность, как правило, была на уровне стандартов в обычных условиях, но значительно выше при засухе. Образец 9497 (Чан-Чунь-Ман x Боярин) в среднем за 6 лет показал урожайность 7,57 т/га, что выше стандарта Боярин на 0,57 т/га. Образец 5782/2015 (Командор x Чан-Чунь-Ман) сформировал 8,52 т/га зерна (+0,86 т/га к стандарту). Это показывает возможность улучшить селекцию высокоурожайных и засухоустойчивых сортов риса в России.

Ведется совместная работа с ВНИИ орошаемого земледелия (Волгоград), где ежегодно проводится агроэкологическое испытание перспективных линий риса при орошении дождеванием и были созданы сорта Волгоградский и Суходол.

[1]. Zou G.H., Screening for drought resistance of rice recombinant inbred populations in the field // 2007, Journal of Integrative Plant Biology, 49, P.1508–1516.

[2]. Pennisi E. The blue revolution, drop by drop, gene by gene // 2008, Science, 320, P.171–173.

ЛОКАЛИЗАЦИЯ И СОСТАВ АНТОЦИАНОВ В ЗЕРНОВКАХ РЖИ С РАЗНОЙ ОКРАСКОЙ

Андреева Е.А.^{1,2}, *, Зыкин П.А.², Лыхолай А.Н.², Войлоков А.В.¹

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение науки

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук. Россия, г. Москва, 119991, ГСП-1, ул. Губкина, д. 3; ²Санкт-Петербургский государственный университет. Россия, г. Санкт-Петербург, 199034, Университетская наб., д.7/9

* elena.alex.andreeva@gmail.com

В растениях синтезируется огромное количество вторичных метаболитов, в частности, флавоноидов. К этой группе принадлежат пигменты антоцианы и проантоцианидины. В Петергофской генетической коллекции ржи сохранены линии с разнообразной окраской тканей и органов, в частности, зерновок (жёлтое, зелёное, коричневое и фиолетовое зерно). За тканеспецифический биосинтез отвечают доминантные гены фиолетовой окраски перикарпа (*Vs*) и зелёной окраски (*C*) алейрона. В составе коллекции идентифицированы безантоциановые линии, несущие мутации в пяти неаллельных генах (*vi1*, *vi2*, *vi3*, *vi4*, *vi6*) и не имеющие антоциановой окраски зерна и вегетативных органов. Комбинация двух из этих генов (*vi1* и *vi2*) с *Vs* ведёт к появлению коричневой окраски зерна.

Методами хроматографии и масс-спектрометрии у 24 образцов ржи с разной окраской зерна проанализирован состав антоцианов в зерновках. У форм с жёлтым и коричневым зерном антоцианы не обнаружены. У форм с зелёным зерном выявлены рутинозиды дельфинидина и цианидина. Образцы с фиолетовым зерном обладают наиболее богатым спектром антоцианов: выявлены цианидин и его метилированное производное пеонидин (преобладающие), а также мальвидин и пеларгонидин. Несмотря на одинаковую окраску, фиолетовоизъёмные образцы различаются по соотношению основных антоцианов и спектру ацилированных производных. Распределение антоцианов и проантоцианидинов в зерновках показано гистологическими методами. У всех исследованных форм ржи с различным цветом зерновок теста окрашена в коричневый цвет различной интенсивности, качественная реакция с ванилином и DMACA выявила наличие проантоцианидинов в тесте, но их распределение и интенсивность накопления варьирует.

В вегетативных органах — соломе взрослых растений, колеоптиле и первом листе проростков, в качестве основного антоциана выявлен рутинозид цианидина.

Рутинозид цианидина по литературным данным является наиболее стабильным антоцианом, обладает антиокислительными свойствами, *in vitro* показана его эффективность в защите ДНК от повреждений УФ. Многочисленные исследования подтверждают защитное действие антоцианов ржи от сердечно-сосудистых заболеваний, диабета, ожирения, а также, их антимутагенный и противоопухолевый эффекты. Полученные нами данные по составу и распределению антоцианов позволяют понять генетический контроль синтеза антоцианов и выявить конкретные мутации, определяющие состав антоцианов у форм коллекции.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ №16-04-00411 и в рамках темы «Генетика и селекция ржи на основе наследственного природного разнообразия».

ОПУШЕНИЕ ЛИСТА ПШЕНИЦЫ: ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОЕ ФЕНОТИПИРОВАНИЕ, ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ И ФИЗИОЛОГИЧЕСКАЯ РОЛЬ

Афонников Д.А.^{1,2,*}, Дорошков А.В.¹, Генаев М.А.¹, Симонов А.В.¹, Осипова С.В.^{3,4}, Пермяков А.В.^{1,3}, Пермякова М.Д.¹, Ефимов В.М.², Пшеничникова Т.А.¹

¹*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Россия, 630090, г. Новосибирск, пр-т Академика Лаврентьева, 10;* ²*Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», Россия, 630090, г. Новосибирск, ул. Пирогова, 1;* ³*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский институт физиологии и биохимии растений Сибирского отделения Российской академии наук», Россия, 664033, г. Иркутск, ул. Лермонтова, д. 132;* ⁴*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Иркутский государственный университет», Россия, 664003, г. Иркутск, ул. Карла Маркса, д. 1*

** ada@bionet.nsc.ru*

Опушение листа у пшеницы играет важную биологическую роль в адаптации к окружающей среде. Однако оценить количественные характеристики опушения и, следовательно, более точно исследовать его роль, всегда было затруднительно. Нами разработан высокопроизводительный подход к фенотипированию опушения листьев пшеницы на основе анализа изображений [1]. Этот метод оценивает количество трихом на изображении, их распределение по длине и среднюю длину. Используя эту технику, мы оценили фенотипический эффект трех известных генов опушения мягкой пшеницы [2]. Наши результаты показали, что эти гены различаются по своему влиянию на рост, инициацию и формирования паттерна трихом.

Проанализировано разнообразие опушения листьев у родственников и предков гексаплоидных пшениц (47 представителей ди-, тетра- и гексаплоидных видов родов *Triticum* и *Aegilops*), установлена изменчивость его фенотипического проявления в процессе эволюции и одомашнивания. Описаны основные морфологические типы опушения. Диплоидные виды показали наибольшую изменчивость характеристик опушения, в то время как культивируемые твердые пшеницы практически не имели опушения. У генотипов мягкой пшеницы отмечена высокая корреляция между числом трихом и их длиной.

Проведен эксперимент для четырех генотипов мягкой пшеницы с различными комбинациями аллелей генов, контролирующих опушение листьев в условиях контролируемого водного дефицита. Показано, что локусы пшеницы, ассоциированные с опушением листьев, могут быть вовлечены в физиологическую реакцию растений на засуху [3].

[1]. Genaev M.A. et al. Extraction of quantitative characteristics describing wheat leaf pubescence with a novel image-processing technique. // 2012, *Planta* 236:1943–1954. DOI: 10.1007/s00425-012-1751-6

[2]. Doroshkov A.V. et al. Interactions between leaf pubescence genes in bread wheat as assessed by high throughput phenotyping. // 2016, *Euphytica*, 207, 491-500. DOI: 0.1007/s10681-015-1520-2

[3]. Pshenichnikova, T.A. et al. Quantitative characteristics of pubescence in wheat (*Triticum aestivum* L.) are associated with photosynthetic parameters under conditions of normal and limited water supply // 2018, *Planta*. DOI: 10.1007/s00425-018-3049-9

Благодарности: Данная работа была выполнена частично при поддержке РФФИ 17-29-08028.

НАПРАВЛЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Белан И.А.^{1,*}, Рассеева Л.П.¹, Блохина Н.П.¹, Немченко В.В.², Абакумов С.Н.³, Кадиков Р.К.⁴, Трубачеева Н.В⁵, Осадчая Т.С.⁵, Першина Л.А.⁵

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Омский аграрный научный центр", Россия, Омск, 644012, пр-т Королева, 26; ²ООО «Агрокомплекс Кургансемена», Россия, Курган, 640000, ул. Володарского, 57; ³ФГУП «Ишимское» Россия, Тоболово, 627704, ул. Мира, 7/2;

⁴ООО «Агротехстрой», Россия, 450009, Уфа, Владивостоцкая, 3а, офис 310; ⁵Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук", Россия, Новосибирск, 630090, пр-т Академика Лаврентьева 10;

* belan_skg@mail.ru

Западная Сибирь – один из ведущих регионов РФ по производству высококачественного зерна пшеницы. В связи с глобальными изменениями и слабой прогнозируемостью погодных условий, появлением новых и сильным распространением имеющихся возбудителей заболеваний стоит задача разработки новых подходов к ускорению селекционного процесса. Задачей наших исследований является создание и внедрение в производство экологически пластичных коммерческих сортов яровой мягкой пшеницы разных групп спелости, сочетающих высокую продуктивность, устойчивость к засухе и болезням. К настоящему времени в лаборатории селекции яровой мягкой пшеницы ФГБНУ «Омский АНЦ» создано 19 сортов, включенных в Госреестр РФ и 16 - Госреестр Казахстана. В выполняемых нами селекционных программах используется комплекс усовершенствованных методов оценки коллекционного и селекционного материала на устойчивость к биотическим стрессам, молекулярно-генетические методы для идентификации генов устойчивости к грибным патогенам, а также технология тестирования *in vitro*, позволяющая выделять генотипы с повышенной устойчивостью к засухе. Показана эффективность включения в селекционный процесс в качестве исходного материала аллоплазматических ДГ-линий (гаплоидных линий с удвоенным числом хромосом), сочетающих комплексы генов устойчивости к грибным патогенам и несущих цитоплазму культурного ячменя *H. vulgare*. Так, в результате гибридизации аллоплазматической линии ДГ-17 с источником чужеродного генетического материала (Laj 3302 / Дружина) была получена гибридная популяция, поэтапное изучение которой в селекционных питомниках позволило выделить перспективные линии. Три из этих линий в 2013, 2015 и 2017 гг. были переданы на ГСИ. В 2016 г. сорт Сигма включен в Госреестр РФ по 10 региону (№ патента РФ 7950). С 2015 г. сорт Уралосибирская 2, а с 2017 г. сорт Ишимская 11 проходят Государственное сортиспытание. Основные достоинства среднеспелых сортов Сигма, Уралосибирская 2 и среднераннего Ишимская 11 – устойчивость к листостебельным патогенам; повышенная урожайность (урожайность превышает 5 т/га) и высокие показатели качества зерна (содержание сырой клейковины выше 30%, белка выше 15%). Данные сорта и ДГ-линии широко используются при гибридизации. С их участием создано свыше 400 комбинаций, которые испытываются в селекционных питомниках. В 2018 г. на ГСИ передан сорт Каравай, созданный с участием ДГ-линий, характеризующийся повышенной урожайностью, устойчивостью к листостебельным патогенам и высоким качеством зерна.

АНТОЦИАНОВЫЕ ФОРМЫ КУКУРУЗЫ КАК ИСТОЧНИК ПОЛУЧЕНИЯ КОМПОЗИЦИИ БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ ВЕЩЕСТВ И НАТУРАЛЬНОГО КРАСИТЕЛЯ

Беляченко Ю.А.^{1,*}, Полуконова Н.В.², Тырнов В.С.¹, Наволокин Н.А.², Кондратьева К.Р.¹,
Барбарян А.М.¹, Рогожин В.В.³, Смолькина Ю.В.¹, Пархоменко А.С.¹,
Дурнова Н.А.², Усанов Д.А.¹

¹*СГУ им. Н.Г. Чернышевского, Россия, г. Саратов, ул. Астраханская, 83, Адрес;* ²*СГМУ им. В.И. Разумовского, г. Саратов, ул. Б.Казачья, 112, ³ФКУЗ РосНИПЧИ «Микроб», г. Саратов, ул. Университетская, 46,*
** julialibelyachenko@mail.ru*

В состав генетической коллекции кукурузы, созданной и поддерживаемой сотрудниками кафедры генетики и лаборатории биотехнологии и репродуктивной биологии биологического факультета СГУ, входит ряд диплоидных и тетраплоидных антоциановых форм, обладающих доминантными генами маркера «коричневый Саратовский». Эти формы, имеющие пурпурную окраску, предложены в качестве источника натурального красителя, представляющего собой уникальную композицию биологически активных веществ с положительным фармакологическим действием. Наиболее перспективными для его получения диплоидными формами являются сорт кукурузы Пурпурная Саратовская (код сорта – 8354935) и созданная на его основе линия гибридного происхождения, которая отличается от исходного сорта более высоким ростом растений и большим размером початков.

Предложены различные способы получения водных и спиртовых экстрактов растительного сырья из разных частей растений, разработана методика извлечения сока из стеблей кукурузы. Способ экстракции, основанный на применении ультразвуковых волн (по патенту РФ № 2399639) характеризуется высоким выходом антоцианов (до 94%).

Проведенные исследования биологических свойств экстракта, полученного из кроющих листьев початков по методике двойной спиртовой экстракции с осаждением неполярных соединений хлороформом (по патенту РФ № 2482863), свидетельствуют об отсутствии токсичности, мутагенных и канцерогенных свойств. При анализе экстракта линии гибридного происхождения установлено наличие соединений фенольной природы, включая фенольные кислоты и полифенолы (флавоноиды), среди которых представлено не менее 4 антоцианов. Показано отсутствие в составе экстракта антрагликозидов, дубильных веществ, кумаринов, кардиотонических гликозидов и алкалоидов.

При изучении биологической активности экстракта установлено его антимутагенное, противоопухолевое, противогрибковое и антимикробное действие. Указанные свойства открывают возможности для его применения в медицине и ветеринарии. Устойчивость и возможность длительного хранения экстракта, безопасность и наличие полезных свойств определяют перспективность его использования в качестве натурального красителя для пищевой и фармацевтической промышленности, при производстве косметических средств и товаров бытовой химии.

Учитывая современную тенденцию к повышению спроса на рынке натуральных пищевых красителей, требуется создание надежной сырьевой базы для их производства на основе высокопродуктивных культур, к которым относится антоциановая кукуруза.

СЕЛЕКЦИЯ ТРИТИКАЛЕ СФЕРОКОККУМ (*TRITICALE SPHAEROCOCCUM*) ХЛЕБОПЕКАРНОГО НАПРАВЛЕНИЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Боровик А.Н.*, Беспалова Л.А., Мирошниченко Т.Ю.

ФГБНУ «НЦЗ им. П.П. Лукьяненко», Россия, г. Краснодар, 350012 Центральная усадьба КНИИСХ
* alex-borovik@mail.ru

Путём скрещивания сорта озимой гексаплоидной тритикале Валентин 90, обладающего высоким уровнем адаптивности и хорошими хлебопекарными качествами с сортом озимой шарозёрной пшеницы Шарада (*T. sphaerococcum*) нашей селекции удалось перенести ген «ss» сферококкоидности в культуру тритикале [1]. Привнесение признака сферококкоидности открыло новые возможности в улучшении показателей качества зерна тритикале (за счёт увеличение содержания белка и клейковины), а также в интенсификации габитуса растения этой культуры (за счёт упрочнения соломины и повышения устойчивости к полеганию) [2]. На сегодняшний день создано 2 сорта тритикале сферококкум – Тит и Гирей. Они обладают высокой зимоморозостойкостью, приспособлены к внесению больших доз удобрений и характеризуются отличными хлебопекарными качествами. Потенциал продуктивности 12 т/га, объёмный выход хлеба из 100 гр. муки без применения улучшителей 850-900 см³, общая оценка хлеба до 4,7 балла. Сорт Тит районирован с 2015 года по Центральному и Северо-Кавказскому регионам РФ, сорт Гирей проходит государственное сортоиспытание [3]. Считаем селекцию тритикале сферококкум важным и перспективным направлением.

1). Беспалова, Л.А. Использование гена сферококкоидности в создании зернового тритикале / Л.А. Беспалова, А.Н. Боровик, О.Ю. Пузырная, Г.И. Букреева // Тритикале. Материалы межд. науч.-практ. конф. «Тритикале и его роль в условиях нарастания аридности климата» и секции тритикале отделения растениеводства РАСХН. – Ростов-на-Дону. – 2012. – С. 21-25.

2). Боровик, А.Н. Шарозёрная тритикале – новая зерновая культура для возделывания по предшественнику подсолнечник / А.Н. Боровик, Т.Ю. Мирошниченко // Масличные культуры. Науч.-тех. бюлл. ВНИИМК. – Вып. 2 (159-160). – 2014. – С. 139-144.

3). Боровик, А.Н. Сорт Гирей – новый шаг в селекции тритикале сферококкум / А.Н. Боровик, Л.А. Беспалова, Т.Ю. Мирошниченко // Тритикале : матер. 8-й Междунар. науч.-практ. конф. «Тритикале и стабилизация производства зерна, кормов и продуктов их переработки» (Ростов-на-Дону, 07 июня 2018 г.). – Ростов-на-Дону : Юг, 2018. – С. 22-26.

ОЦЕНКА ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ПЛАСТИЧНОСТИ И СТАБИЛЬНОСТИ СОРТОВ ЯРОВОГО ЯЧМЕНЯ МЕЖСТАНЦИОННОГО СОРТОИСПЫТАНИЯ

Брагин Р.Н.*, Филиппов Е.Г., Донцова А.А.

ФГБНУ АНЦ «Донской», Россия, г. Зерноград, Научный городок, 3

* braginroman40@ya.ru

Яровой ячмень является одной из главных зернофуражных культур России. Кроме того, яровой ячмень широко применяется в промышленности, особенно, в пищевой. Это обуславливает широкое использование ячменя в сельском хозяйстве.

Для современного сельского хозяйства востребованы сорта, не только высокоурожайные, а так же имеющие широкий уровень адаптивности, устойчивые к полеганию и вредоносным болезням, способные противостоять абиотическим стрессам. Для данной цели проводился анализ экологической пластичности и стабильности сортов ярового ячменя межстанционного сортоиспытания. В исследовании использовались 10 сортов ярового ячменя при стандарте Ратник, в двукратной повторности за 2016 – 2018 годы. Анализ выполнен по методике S. A. Eberchart, W. A. Rassel (1966) в редакции В. А. Зыкина, с применением программ для статистической обработки Excel и Statistica 10.

На урожайность, сформированную за годы исследований (2016–2018 гг.), огромное влияние оказал фактор год – 94,9%, факторы сорт – 3,4%, и их взаимодействие – 1,7% практически не оказали влияния за данный период времени. Высокое значение фактора год по отношению к другим факторам выражено тем, что за годы исследования под воздействием условий внешней среды урожайность сильно варьировала.

Для выявления реакции урожайности сортов на изменение условий выращивания, рассчитан коэффициент линейной регрессии сортов b_i . Сорта Грейс ($b_i = 1,32$), Грис ($b_i = 1,21$) и Приазовский 9 ($b_i = 1,16$) выделились высокой отзывчивостью на улучшение условий выращивания. В условиях стресса они снижает свою урожайность по отношению к другим сортам. Сорта Сокол ($b_i = 1,01$), Леон ($b_i = 1,07$), Вакула ($b_i = 9,4$) и KWS-Thessa ($b_i = 1,04$) дают стабильный урожай при различных условиях выращивания, подстраиваясь под изменяющиеся абиотические факторы. Сорт Одесский 22 ($b_i = 0,43$) обладает низкой отзывчивостью на изменение условий среды, что обуславливается наибольшей отдачей при минимальных затратах.

При анализе коэффициента стабильности, было выявлено: наиболее стабильным был сорт Грис ($\sigma^2 d = 0,00$), а самым нестабильным сорт Одесский 22 ($\sigma^2 d = 1,94$). Остальные сорта занимали промежуточное положение ($\sigma^2 d = 0,03 – 0,88$).

Таким образом, оценка экологической пластичности позволила выделить отзывчивые и стабильные сорта ярового ячменя к условиям внешней среды. Сорта Грис, Грейс и Приазовский 9 выделились высокой отзывчивостью на улучшение условий выращивания.

РОЛЬ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ SNN3/TOX3 В РАЗВИТИИ РЕАКЦИИ СОВМЕСТИМОСТИ С УЧАСТИЕМ ЭТИЛЕНА В ПАТОСИСТЕМЕ *TRITICUM SP.- STAGONOSPORA NODORUM*

Бурханова Г.Ф.^{1,*}, Веселова С.В.¹, Нужная Т.В.¹

¹*Институт биохимии и генетики ФГБНУ Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Российская Федерация, Уфа, 450054, проспект Октября, 71*

^{*} *guzel_mir@mail.ru*

Септориозная пятнистость листьев пшеницы, вызываемая *Stagonospora nodorum*, комплексное заболевание контролируемое множеством генов, поэтому на сегодняшний день нет четких критериев для отбора устойчивых генотипов, что осложняет селекцию на устойчивость к данному патогену. Кроме того, *Stagonospora nodorum* вырабатывает многочисленные некротрофные эффекторы (НЭ), являющиеся факторами вирулентности. Дикорастущие виды пшеницы, особенно диплоиды и тетраплоиды, отличаются высокой частотой встречаемости образцов с устойчивостью к грибным инфекциям.

В данной работе был проведен поиск доноров устойчивости к *S. nodorum* среди представителей рода *Triticum*. Отобрано два устойчивых образца из коллекции ВИР: *T. timopheevii* к-58666 и *T. tauricoccum* к-39471, а также два контрастных по устойчивости сорта мягкой яровой пшеницы *T. aestivum* – Жница (восприимчивый), Омская 35 (устойчивый). У устойчивых образцов не выявлено доминантной аллели локуса восприимчивости *Snn3-1B* к НЭ *S. nodorum* SnTox3, в отличие от восприимчивого сорта Жница. На данных образцах изучено влияние трех изолятов *S. nodorum* – SnБ (Tox3⁺), Sn9MH(Tox3⁺), Sn4ВД(Tox3⁻), экспрессирующих или нет НЭ SnTox3. Для реакции совместимости (*Snn3⁺/Tox3⁺*) было характерно снижение генерации H₂O₂ за счет повышения активности каталазы и низкой активности пероксидазы (ПО) и оксалатоксидазы (ОО), а также уменьшения транскрипционной активности генов НАДФН-оксидазы и супероксиддисмутазы (СОД) на раннем этапе инфицирования (24 ч), что в дальнейшем приводило к образованию обширных зон поражения. Для реакции несовместимости (*Snn3⁺/tox3⁻*, *snn3⁻/Tox3⁺*, *snn3⁻/tox3⁻*) было характерно повышение генерации H₂O₂ за счет снижения или отсутствия изменений активности каталазы, резкого увеличения активности ПО и ОО, а также накопления транскриптов генов НАДФН-оксидазы и СОД на раннем этапе инфицирования (24 ч), что приводило к развитию СВЧ-реакции и остановке роста патогена. Ингибирование биосинтеза этилена (с помощью AVG) или его рецепции (с помощью 1-МЦП) в комбинации *Snn3⁺/Tox3⁺* приводило к развитию реакции устойчивости. Тогда как при реакции полной несовместимости (*snn3⁻/tox3⁻*) ни ингибирование биосинтеза этилена, ни обработка его химическим предшественником (этелефоном) не влияли на развитие болезни.

Таким образом, показана роль взаимодействия *Snn3/Tox3* в регуляции биосинтеза и сигнального пути этилена с целью колонизации растения-хозяина.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 18-04-00978.

ИСТОЧНИКИ ПОЛЕВОЙ УСТОЙЧИВОСТИ У НЕКОТОРЫХ ВИДОВ ПШЕНИЦЫ К НАИБОЛЕЕ РАСПРОСТРАНЕННЫМ БОЛЕЗНЯМ В ТАТАРСТАНЕ

Василова Н.З.^{1,*}, Асхадуллин Д-л.Ф.¹, Асхадуллин Д-р. Ф.¹, Зуев Е.В.²

¹Татарский НИИСХ - ФИЦ КазНЦ РАН, Россия, Казань, 420059, Оренбургский тракт 48;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, Большая Морская 41-42

* nurania59@mail.ru

Грибные болезни яровой пшеницы являются одним из факторов лимитирующих её урожайность в условиях Татарстана. Возникающие и учащающиеся эпифитотии могут приводить к значительным колебаниям валового производства зерна. В системе защиты пшеницы от болезней важная роль отводится созданию устойчивых сортов. Выявление источников устойчивости - первый этап при создании таких сортов. Особенно важен поиск источников в эпифитотийные годы, когда отмечается максимальная степень поражения.

В условиях Татарстана за последние 10 лет (2009-2018 гг.) массовое развитие листовой бурой ржавчины отмечалось в 2009 году; стеблевой ржавчины в 2016 году; мучнистой росы ежегодно, кроме 2010 года, темно-бурой листовой пятнистости в 2017 году, т.е. не менее, чем один раз в 10 лет данные заболевания носят эпифитотийный характер. Поиск источников устойчивости к данным заболеваниям проводили среди коллекции пшениц в основном представленной коллекцией ВИР и включающей виды: *T. aestivum* L., *T. durum* Desf., *T. dicoccum* (Schrank) Schuebl., *T. polonicum* L.

Некоторые образцы сохраняют устойчивость на протяжении 10 лет. Устойчивые образцы яровой мягкой пшеницы к листовой бурой ржавчине (2009-2018 гг.): Hoffman (к-65006, Канада), Омская 39 (к-64993, РФ, Омская обл.), Leguan (к-64387, Чехия), Воевода (к-64997, РФ, Саратовская обл.), Фаворит (к-64998, РФ, Саратовская обл.); IAS 64 x Alondra (к-58944, Бразилия), AC Taho (к-64977, Канада), Renaico INIA (к-64234, Чили); Экада 113 (к-65453, РФ, Самарская обл.). К мучнистой росе (2009-2018 гг.): Tybalt (к-64897, Нидерланды), Cytra (к-64470, Польша), Августина (к-65144, РФ, Кировская обл.), Виза, (к-64390, Беларусь), Cub к-62510, Великобритания), Ситара (РФ, Татарстан). К темно-бурой листовой пятнистости (2017-2018 гг.): Arrino (к-65995, Австралия), Nyabing (к-65997, Австралия), Тобольская (к-65846, РФ, Алтайский край), Yun Mai 35 (к-65885, Китай), Long Chun 8 (к-65881, Китай), Памяти Майстренко (к-65448, РФ, Омская обл.), Byrsa (к-65852, Тунис), Sultan (к-65859, Турция), Челяба золотистая (к-65143, РФ, Челябинская обл.), Sober (к-61221, Швеция), Уралосибирская 2 (РФ, Омская обл.). К стеблевой ржавчине (2016-2018 гг.): Тулайковская 5 (к-62927, РФ, Самарская обл.), IAS 64 x Alondra (к-58944, Бразилия), AC Cadillac (к-64565, Канада), AC Taho (к-64977, Канада), Su-Mai 2 (к-65442, Китай), Falat (к-65853, Иран), Zidane 89 (к-65855, Алжир).

У вида *T. Schrank* Schuebl. комплексной устойчивостью к бурой листовой и стеблевой ржавчине, мучнистой росе и темно-бурой листовой пятнистости обладает образец Белка (к-64408, РФ, Ленинградская обл.), устойчивостью к мучнистой росе к-10456 (РФ, Татарстан), к-18623 (Германия), Аджа (к-19208, Эфиопия), к-41928 (Германия). Испытанные образцы *T. polonicum* L.: к-9277 (Израиль), Koko (к-62974, Сирия), Арабская (к-44059, Китай) высоко устойчивы к стеблевой ржавчине. Некоторые самарские сорта пшеницы твердой (*T. durum* Desf.) выделяются: по

устойчивости к листовой бурой ржавчине сорт Безенчукская Степная (к-63778), по устойчивости к бурой ржавчине сорта: Безенчукская 200 (к-63766), Безенчукская Крепость (к-65951) и Марина (к-64517).

ДЕФИЦИТНЫЙ ПО АБК МУТАНТ ЯЧМЕНЯ КАК ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ВОДНОГО ОБМЕНА РАСТЕНИЙ И ВЫЯВЛЕНИЯ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЗАСУХОУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ

Веселов Д.С.*, Кудоярова Г.Р.

Уфимский Институт биологии УФИЦ РАН, Россия, Уфа, пр. Октября, 69

* veselov@anrb.ru

Дефицитный по гормону абсцизовой кислоте (АБК) мутант ячменя AZ34 отличается пониженной активностью фермента, катализирующего окисление альдегида АБК, по сравнению с растениями исходного генотипа (Steptoe). Мы провели сравнительное изучение AZ34 и Steptoe для выявления роли АБК в регуляции водного обмена и засухоустойчивости растений. Хорошо известно, что накопление АБК в листьях способствует закрытию устьиц, что может происходить достаточно быстро и обеспечивает экономию воды. АБК также способна влиять на гидравлическую проводимость корней. Однако этому эффекту уделялось недостаточно внимания. Нами показано, что накопление АБК в корнях способствует увеличению притока воды из корней за счет возрастанию гидравлической проводимости. Гидравлическая проводимости важна в условиях атмосферной засухи, когда ускорение притока воды из корней должно компенсировать возросшие потери воды за счет ее испарения. Этот механизм поддерживает устьица в открытом состоянии, обеспечивает газообмен, фотосинтез и высокую урожайность растений в условиях умеренной атмосферной засухи, характерной для многих регионов России. Нами выявлено накопление АБК в корнях растений Steptoe на фоне возрастания дефицита воды в воздухе и транспирации при повышении температуры, что сопровождалось повышением гидравлической проводимости корней [1]. У растений AZ34 не было зарегистрировано накопления АБК, а гидравлическая проводимость оставалась на исходном уровне. Это приводило к падению водного потенциала листа и торможению роста, что подтверждает важную роль АБК в нормализации водного обмена в условиях умеренной атмосферной засухи. Иммуногистохимический метод с использованием специфических антител к аквапоринам ячменя показал, что нагревание воздуха вызывает у растений Steptoe повышение числа локализованных в плазмолемме водных каналов, кодируемых геном *HvPIP2;2*. У растений AZ34 этого эффекта не было обнаружено, что указывает на зависимость влияния АБК на гидравлическую проводимость с изменением экспрессии генов, кодирующих аквапорины. В целом полученные нами результаты свидетельствуют о перспективности использования оценки уровня АБК и активности аквапоринов в растениях как физиологических признаков в селекции за засухоустойчивость.

Благодарности: Данная работа была выполнена при частичной поддержке гранта РФФИ № 17-04-01477.

[1]. Veselov D.S., Sharipova G.V., Veselov S.Yu. et al., Rapid changes in root *hvpip2;2* aquaporins abundance...// 2018, Funct. Plant Biol., V.45, P.143–149.

ОСОБЕННОСТИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ГЕНОВ ВОСПРИИМЧИВОСТИ *Snn* И ГЕНОВ ЭФФЕКТОРОВ *Tox* В ПАТОСИСТЕМЕ *TRITICUM AESTIVUM* - *STAGONOSPORA NODORUM*

Веселова С.В.¹, *, Бурханова Г.Ф.¹, Нужная Т.В.¹

¹Институт биохимии и генетики ФГБНУ Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Российская Федерация, Уфа, 450054, проспект Октября, 71

* veselova75@rambler.ru

Септориоз листьев и колоса, вызываемый гемибиотрофным грибом *Stagonospora nodorum* Berk. - вредоносное и широко распространенное в Российской Федерации заболевание пшеницы. Взаимоотношения в патосистеме пшеница – *S. nodorum* осуществляются по типу «ген-на-ген» в зеркальном отражении и основаны на наличии некротрофных эффекторов (НЭ) и соответствующего локуса восприимчивости у хозяина (*Snn*). НЭ являются важнейшими факторами вирулентности патогена и индуцируют некрозы и хлорозы на листьях восприимчивых сортов. На сегодняшний день охарактеризован восемь НЭ патогена и девять соответствующих им *Snn* локусов пшеницы. В данной работе было изучено три взаимодействия *SnToxA-Tsn1*, *SnTox1-Snn1*, *SnTox3-Snn3-1B*.

Проведена ПЦР диагностика генов НЭ *ToxA*, *Tox1* и *Tox3* у трех изолятов *S. nodorum* – SnБ, Sn4ВД, Sn9МН. Изоляты Sn4ВД и Sn9МН содержали в геноме все три гена НЭ, а изолят SnБ содержал только гены *ToxA* и *Tox3*. Анализ транскрипционной активности данных генов НЭ показал отсутствие экспрессии всех трех генов у авирulentного изолята Sn4ВД и максимальное накопление транскриптов гена *Tox3* через 24 часа и гена *ToxA* через 72 часа после инокуляции восприимчивого сорта Жница вирулентными изолятами SnБ и Sn9МН.

Проведена ПЦР диагностика аллелей генов восприимчивости *Tsn1*, *Snn1* и аллелей локуса *Snn3-1B* у 12 сортов мягкой яровой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) районированных в Республике Башкортостан. Ген восприимчивости *Tsn1* был выявлен только у 2 сортов, что составляло 16,7% встречаемости. Ген восприимчивости *Snn1* - у 11 сортов (91,7%). Локус восприимчивости *Snn3-1B* был обнаружен у 5 сортов (41,7%).

Для исследования молекулярных механизмов инфекционного процесса изучены четыре сочетания генотипов на примере взаимодействия *Snn3/Tox3*: *Snn3⁺/Tox3⁺*, *snn3⁻/Tox3⁺*, *Snn3⁺/tox3⁻*, *snn3⁻/tox3⁻*. Известно, что НЭ *SnTox3* влияет на генерацию активных форм кислорода в растениях пшеницы. Нами показано, что специфическое взаимодействие ген-на-ген (*Snn3/Tox3*) переключается на неспецифические сигнальные пути защиты, связанные с этиленовым сигнальным путем и изменением редокс-метаболизма инфицированных растений пшеницы.

Таким образом, гены восприимчивости *Tsn1*, *Snn1* и *Snn3* могут быть использованы как молекулярные маркеры для MAS, а изучение механизма взаимоотношений *Snn/Tox* позволит расширить знания о патосистеме пшеница – *S. nodorum* и разработать стратегии устойчивости к септориозу и другим заболеваниям.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 18-04-00978.

ГЕН *F3'5'H-1* ЯЧМЕНЯ КАК МИШЕНЬ ДЛЯ РЕДАКТИРОВАНИЯ

Вихорев А.В.^{1,2*}, Стрыгина К.В.¹, Хлесткина Е.К.^{1, 2, 3}

¹ ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²Новосибирский государственный университет, Россия, Новосибирск, ул. Пирогова, 2 ;

³Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* vihorev97@mail.ru

Растительные пигменты антоцианы являются группой природных биологически активных соединений. У ячменя *Hordeum vulgare* L. антоцианы могут специфически синтезироваться и накапливаться во многих тканях, например, в алейроновом слое и перикарпе, придавая зерновке растения голубой и красно-фиолетовый цвет, соответственно [1]. Однако на данный момент на территории России не созданы и не возделываются сорта ячменя, обладающие антоциановой окраской зерновки. Ввиду потенциала, который имеет насыщенное антоцианами зерно, изучение генов, вовлечённых в синтез антоцианов, является актуальной задачей.

Известно, что синтез голубых антоциановых пигментов обуславливается наличием в геноме функциональных аллелей гена флавоноид 3', 5'-гидроксилазы (*F3'5'H*). Но в отсутствии экспрессии гена *F3'5'H* будет происходить накопление не голубых, а красно-фиолетовых пигментов за счёт активности высоко гомологичного гена флавоноид 3'-гидроксилазы (*F3'H*). Однако гены *F3'H* и *F3'5'H* относятся к наименее изученным семействам структурных генов биосинтеза антоцианов ячменя. В настоящей работе нами были идентифицированы две копии гена *F3'H* (хромосомы 1HL и 6HS) и четыре копии гена *F3'5'H* (хромосомы 4HL, 6HL, 6HS и 7HS) в геноме ячменя. Анализ аминокислотных последовательностей продемонстрировал наличие консервативных мотивов, характерных для генов флавоноид-гидроксилаз, у всех копий *F3'H* и *F3'5'H*, за исключением *F3'5'H-3*, который оказался нефункциональной копией гена *F3'5'H-2*. Анализ количественной экспрессии генов выявил тканеспецифическую активность для генов, обозначенных *F3'H-1*, *F3'H-2*, *F3'5'H-1* и *F3'5'H-2*. Было обнаружено, что экспрессия гена *F3'H-1* соотносится с пигментацией перикарпа ячменя, в то время как окраска алейронового слоя связана с активностью гена *F3'5'H-1*.

На основе полученных данных планируется создать генетическую конструкцию для нокаута гена *F3'5'H-1* с целью получения новых линий ячменя с изменённым составом антоциановых пигментов.

[1]. Шоева О.Ю., Стрыгина К.А., Хлесткина Е.К., Гены, контролирующие синтез флавоноидных и меланиновых пигментов ячменя // 2018, Вавиловский журнал генетики и селекции. Т.22(№3), С.333-342.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ № 18-416-543007.

ВЫБОР ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ ДЛЯ МУТАЦИЙ БЕЗАНТОЦИАНОВОСТИ У РЖИ НА ОСНОВЕ СРАВНИТЕЛЬНОГО КАРТИРОВАНИЯ

Войлоков А.В.^{1,*}, Цветкова Н.В.², Хакауф Б.³

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Россия, Москва, 119991, ГСП-1, ул. Губкина, д. 3,

²Федеральное государственное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет», Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., д.7-9, ³Julius Kühn-Institut, Institute for Breeding Research on Agricultural Crops, Germany, Sanitz, D-18190,Rudolf-Schick-Platz 3a

* av_voylokov@mail.ru

На основании сцепления с молекулярными маркёрами экспрессирующихся последовательностей ржи, картированы пять генов, контролирующих антоциановую окраску растения(*vi1*, *vi2*, *vi3*, *vi4/vi5*, *vi6*). Ген *vi1* косегрегирует с *tcos1903* и тесно сцеплен с фланговыми маркёрами *tcos1879* и *tcos1892* в хромосоме 7R. У пшеницы эти маркёры локализованы также в хромосомах седьмой гомеологичной группы. Ранее ген *vi1* был картирован на расстоянии 27% от микросателлитного маркёра *Xgwm1302*, локализованного у пшеницы в хромосомах 4B и 4D. Это позволяет предположить, что ген *vi1* локализован в хромосоме 7R на границе эволюционной транслокации между хромосомами седьмой и четвёртой гомеологичных групп, и является ортологом генов транскрипционных факторов R2R3 MYB пшеницы, локализованных в синтенных участках хромосом. Ген *vi2* сцеплен с тремя маркёрами *TC80147*, *AK373477* и *AK248154*, он занимает дистальное положение относительно последнего маркёра в 4RL. Эти маркёры локализованы у ячменя в хромосоме 6H, а у пшеницы в 6A,6B и 6D, что соответствует данным о дистальном участке хромосомы 4RL как фрагменте предковой хромосомы шестой гомеологичной группы. В ортологических фрагментах этих хромосом у ржи, ячменя и пшеницы локализован ген антоцианидинсинтазы. Ген *vi3* входит в группу сцепления из трёх маркёров хромосомы 3R, располагаясь между двумя из них *FJ394356/1* и *TC2751g*. Взаимное расположение маркёров *FJ394356/1*, *TC2751g* и последовательности гена дигидрофлавонол 3-гидроксилазы на карте хромосомы 3R соответствует предположению о структурном гене *Dfr*, как гене-кандидате для мутации *vi3*. Ген *vi4* расположен в хромосоме 2R между двумя маркёрами *tcos342* и *tcos5085*. Положение этого гена на карте практически совпадает с положением контига, близкого по последовательности MYC- генам ячменя, пшеницы и кукурузы. Нами ранее в этом участке хромосомы был локализован ген *Vs*, отвечающий за биосинтез антоцианов в перикарпе. Это позволяет рассматривать ген, включающий последовательность контига, кодирующего транскрипционный фактор bHLH(MYC), в качестве гена - кандидата как для *vi4*, так и для *Vs*, что делает необходимым проверку их аллелизма. Ген *vi6* расположен на хромосоме 2R дистальнее маркёра *tcos5085* и тесно (1,9%) сцеплен с другим фланговым маркёром *tcos485*. В этом участке хромосомы картирован структурный ген флаванон 3-гидроксилазы *ScF3h*. Наиболее вероятно, что мутация именно в этом гене ведёт к безантоксианости у ржи, и он может рассматриваться в качестве гена - кандидата для *vi6*.

Благодарность: Данная работа была выполнена при поддержке госзадания на тему «Генетика и селекция ржи на основе наследственного природного разнообразия».

АНАЛИЗ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ РАЗВИТИЯ ЗАРОДЫША, У ПАРТЕНОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЛИНИИ КУКУРУЗЫ

Волохина И.В.*, Моисеева Е.М., Гуторова О.В., Гусев Ю.С., М.И. Чумаков

*Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов Российской академии наук,
410049 Саратов, пр-т Энтузиастов, д. 13
* volokhina_i@ibppm.ru*

Размножение семенами без оплодотворения (апомиксис) культурных форм растений может стать революционной инновационной биотехнологией в растениеводстве, которая позволит снизить затраты на репродукцию. Для создания такой технологии необходимо знание молекулярно-генетического механизма переключения с полового на апомиктический способ размножения. У основных возделываемых видов растений апомиксис отсутствует, хотя распространен у их «диких» сородичей, например, у дикого предка кукурузы – трипсакума (*Tripsacum dactyloides* L.) [1]. Нами была исследована партеногенетическая (АТ-3) и контрольная (ГПЛ-1) линии кукурузы, полученные саратовскими селекционерами [2]. Растения линии АТ-3 склонны к наследуемому матроклинному партеногенезу или гиногенезу, когда в определенном проценте зародышевых мешков (ЗМ) происходит спонтанное развитие зародыша из неоплодотворенной яйцеклетки. Однако генетический контроль этого явления не ясен. Было предположено, что апомиксис может возникнуть в результате временного или пространственного разрегулирования транскрипционных программ, которые контролируют половое размножение у растений [1]. Методом количественной ПЦР в ЗМ (до и после опыления) была исследована экспрессия генов, связанных с метилированием и ацетилированием ДНК (*dmt102*, *dmt103*, *dmt105*, *hdt104*, *hon101*), а также гена *chr106*, кодирующего хроматин-модулирующий фактор. Спустя 7 дней после появления рылец (7ДПР) в ЗМ экспрессия всех исследованных генов не отличалась у обеих исследованных линий, за исключением генов метилирования ДНК (*dmt103* и *dmt105*), экспрессия которых была меньше у линии АТ-3. Через 7 дней после опыления (7ДПО) экспрессия генов *dmt103* и *hdt104* в ЗМ у АТ-3 увеличивалась, а генов *dmt102*, *dmt105*, и *hon101* уменьшалась, по сравнению с линией ГПЛ-1. У ГПЛ-1 экспрессия всех исследованных генов из ЗМ через 7ДПО уменьшалась, по сравнению с 7ДПР. Сходную тенденцию по экспрессии генов через 7ДПО наблюдали и для линии АТ-3, за исключением генов *dmt105* и *chr106*, экспрессия которых уменьшалась для генов *dmt105* и *chr106*, по сравнению с 7ДПР. В докладе обсуждаются вопросы о возможной связи наблюдаемой экспрессии исследованных генов с проявлением гиногенеза и использование CRISPR/Cas9 технологии для редактирования генов, контролирующих половое размножение у кукурузы, а также при анализе проблемы безопасного совместного выращивания исходных и CRISPR/Cas9-трансформированных растений.

Литература:

- [1] Grimanelli D. Epigenetic regulation of reproductive development and the emergence of apomixis in angiosperms // 2012, Curr. Op. Plant Biol. V.15. P. 57-62.
- [2] Тырнов В.С., Еналеева Н.Х., Автономное развитие зародыша и эндосперма у кукурузы // 1983, Доклады Академии Наук. Т. 272. С. 722-725.

Благодарности: Исследование выполнено при частичной финансовой поддержке РФФИ в рамках научных проектов №№18-016-00155, 18-29-14048.

РОЛЬ ГЕНОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ СИНТЕЗ ПОЛИФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ, В СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТИ ЯЧМЕНЯ И ПШЕНИЦЫ: ИССЛЕДОВАНИЯ НА МОДЕЛЯХ ПОЧТИ-ИЗОГЕННЫХ ЛИНИЙ

Глаголева А.Ю.¹, Гордеева Е.И.¹, Захарова О.В.^{1,*}, Юдина Р.С.¹, Шоева О.Ю.¹, Хлесткина Е.К.^{1,2}

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

*olesya_ter@bionet.nsc.ru

Полифенольные соединения антоцианы и фитомеланины определяют окраску различных органов растений. Данные пигменты и их неокрашенные предшественники участвуют в регуляции роста и развития растений, выполняют сигнальные функции, а также сообщалось о взаимосвязи признаков окраски со стрессоустойчивостью растений.

Целью данной работы явилось выявление роли генов *Pp*, контролирующих антоциановую пигментацию зерна и вегетативных органов пшеницы, а также гена *Blp*, контролирующего меланиновую окраску колоса ячменя, в устойчивости растений к абиотическим стрессам.

Работы была проведена на точных генетических моделях почти-изогенных линий пшеницы и ячменя. Линии пшеницы были разработаны на основе сорта Саратовская 29 (С29) в ИЦИГ СО РАН (Новосибирск, Россия) и характеризовались различными комбинациями доминантных аллелей генов *Pp-1* и *Pp3*, обуславливающими отличия в пигментации зерна и вегетативных органов [1]. Почти-изогенные линии ячменя по локусу *Blp*, полученные из ГенБанка NordGen (<https://www.nordgen.org/en/>), отличались наличием темноокрашенных пигментов в цветковых чешуях и перикарпе зерна. В качестве тестируемых стрессовых стимулов к однодневным проросткам пшеницы и ячменя добавлялись соли NaCl, CdCl₂ и PEG6000 в различных концентрациях, моделируя, соответственно, условия засоления, загрязнения среды ионами тяжёлых металлов и засуху различной интенсивности. На пятый день эксперимента проводили измерения длины корней и проростков, а также массы данных частей растений.

Сравнение морфометрических показателей между линиями пшеницы показало, что линии с интенсивной антоциановой пигментацией зерна и колеоптиле имеют более высокие ростовые показатели при действии различных типов стрессов по сравнению со слабоокрашенной С29. Данные отличия между линиями наблюдались в условиях стресса низкой интенсивности, тогда как при воздействии стрессом высокой интенсивности, отличий между линиями по морфометрическим показателям выявлено не было. Фенотипически линии ячменя с различными аллелями в локусе *Blp* на стадии проростков не отличались, тогда как в условиях стресса линия, несущая доминантный аллель *Blp*, имела большие показатели роста по сравнению с линией с рецессивным *bfp*.

Таким образом, в результате работы была установлена защитная роль генов *Pp* и *Blp*, контролирующих синтез полифенольных соединений, в условиях абиотического стресса.

[1]. Gordeeva E.I. et al., Marker-assisted development of bread wheat near-isogenic lines carrying various combinations of *Pp* (*purple pericarp*) alleles // 2015, Euphytica, V.203(2), P.469–476, doi: 10.1007/s10681-014-1317-8.

ДОМЕСТИКАЦИЯ, БИОРАЗНООБРАЗИЕ И АРХИТЕКТОНИКА ПШЕНИЦ

Гончаров Н.П.

Институт цитологии и генетики СО РАН, РФ, Новосибирск. Пр. ак. Лаврентьева 10;
Новосибирский государственный аграрный университет, РФ, Новосибирск. ул. Добролюбова 160
* gonch@bionet.nsc.ru

Пшеницы начали культивировать на пороге эпохи шлифованного камня – неолита. Поиск механизмов возникновения морфологических изменений в ходе доместикации – одна из старейших проблем эволюционной биологии [1]. Привлечение новейших молекулярно-биологических и сравнительно-генетических методов для ее решения дает ключ к пониманию ю механизмов, и позволяет реконструировать возможные сценарии вовлечения в селекции признаков, отличающих дикорастущие виды пшениц от возделываемых. В многочисленных исследованиях, проведенных в последнее время, показано, что явные физиологические и морфологические отличия, имевшие важное значение для древнего земледельца, возникли вследствие изменений в локусах, регулирующих программы развития растений [2]. Выявление механизмов появления у возделываемых растений определенных признаков в ходе доместикации позволило связать направление отбора с характером выраженности и генетического контроля таких признаков. В настоящее время у пшениц выделен ряд генов, контролирующих хозяйственно важные признаки, которые могут быть использованы для изучения эволюционных процессов происходящих при доместикации. К таким генам относится гены *Vrn*, детерминирующие скорость развития и яровость-озимость, и ген *Q*, контролирующий пленчатость-голозерность и ломкоколосость. Накопленные к настоящему времени данные о нуклеотидных последовательностях геномов различных видов пшениц позволяют не только с большой степенью достоверности установить филогенетические взаимоотношения в роде *Triticum* L., но и провести временные оценки дивергенции видов и выявить вектора доместикации. Их филогения, построенная на основе молекулярно-генетических данных, соотнесена с археологическими данными. В докладе обсуждаются полученные и накопленные на настоящий момент времени результаты в свете ранее выполненных работ.

Благодарности: Работа была поддержана грантами РНФ 16-16-10021 и 19-76-20028.

[1]. Гончаров Н.П., Глушков С.А., Шумный В.К., Доместикация злаков Старого Света: поиск новых подходов для решения старой проблемы. // 2007, Журн. общ. биол., Т.68, С.125-147.

[2]. Smykal, P.; Nelson, M.N.; Berger, J.D.; von Wettberg, E.J., The Impact of Genetic Changes during Crop Domestication on Healthy Food Development. // 2018, Agronomy., V.8, P.119.

ОБОГАЩЕНИЕ ПИЩЕВОЙ ПРОДУКЦИИ АНТОЦИАНАМИ ЗА СЧЕТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ НОВЫХ ФОРМ ПШЕНИЦЫ С ПОВЫШЕННЫМ СОДЕРЖАНИЕМ АНТОЦИАНОВ

Гордеева Е.И.^{1*}, Генералова Г.В.¹, Усенко Н.И.², Стабровская О.И.³, Шарфунова И.Б.³, Отмахова Ю.С.², Хлесткина Е.К.^{1,4}

¹ ИЦиГ СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10; ² НГУ, Россия, Новосибирск, ул.

Пирогова, 2; ³ КемТИПП, Россия, Кемерово, пр. Строителей, 47; ⁴ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И.

Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* elgordeeva@bionet.nsc.ru

В настоящее время возрастает интерес к производству функциональных и диетических пищевых продуктов для ежедневного рациона, будущая питательная ценность и состав которого может закладываться еще на этапе создания сорта. К таким видам пищевого сырья можно отнести зерно мягкой пшеницы с повышенным содержанием антоцианов. Известно, что антоцианы являются природными антиоксидантами, также могут препятствовать возникновению диабета II типа и тормозят старение организма. В государственном реестре селекционных достижений не зарегистрировано сортов мягкой пшеницы, из зерна которых могут производиться продукты, содержащие антоцианы. Для ускоренного введения в современные сорта пшеницы генов, контролирующих антоциановую окраску перикарпа зерновки, известны диагностические ДНК-маркеры, с использованием которых можно вдвое ускорить процесс отбора по сравнению с отбором на основе биохимической или фенотипической оценки. С использованием модельных изогенных линий, различающихся небольшим участком хромосомы 2A, содержащим ген *Pp3/TaMys1* - регулятор биосинтеза антоцианов в перикарпе, получены хлебобулочные изделия, рецептура которых включает добавление отрубей (после размола зерна, антоцианы, синтезирующиеся в перикарпе, оказываются в отрубях), и произведена их сравнительная оценка. Продукция из зерна, обогащенного антоцианами, не уступала, а в некоторых случаях даже превышала хлебопекарные и органолептические параметры изделий из зерна контрольной линии. Выявлена устойчивость антоцианов к технологической обработке – они не разрушаются при выпечке. Также установлено, что изделия, содержащие антоцианы, лучше хранятся по сравнению с контрольными, которые антоцианов не содержат.

СОЗДАНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ ИЗОГЕННЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С РАЗЛИЧНЫМ СОДЕРЖАНИЕМ АНТОЦИАНОВ В ЗЕРНЕ

Гордеева Е.И.^{1,*}, Генералова Г.В.¹, Щукина Л.В.¹, Юдина Р.С.¹, Шоева О.Ю.¹,
Хлесткина Е.К.^{1,2}

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия Вавилова, ул. Большая Морская, 42-44

*elgordeeva@bionet.nsc.ru

Пшеница (*Triticum aestivum* L.; $2n = 6x = 42$, геном BBAADD) является важнейшей злаковой культурой, которая обеспечивает по данным ООН до 20% калорий, потребляемых населением планеты. В последние годы возрастает интерес к производству пшеницы, накапливающей антициановые соединения в зерне, как к источнику полезных для здоровья функциональных пищевых продуктов, которые при включении в рацион обеспечивают снижение риска возникновения некоторых заболеваний.

У пшеницы антицианы могут накапливаться в перикарпе, где их биосинтез контролируется комплементарно взаимодействующими генами *Pp-D1* и *Pp3*, которые были картированы в хромосомах 7D и 2A, соответственно. Синтез антицианов в алейроновом слое контролируется генами *Ba*, унаследованными мягкой пшеницей от пырея в ходе межвидовой гибридизации и локализованными в чужеродных хромосомах, замещающими хромосомы 4 гомеологической группы. Нами были подобраны внутригенные маркеры к доминантным аллелям генов *Pp-D1*, *Pp3* и *Ba*, которые совместно с микросателлитными маркерами, сцепленными с этими генами, использовались для получения линий с различными комбинациями аллелей в локусах *Pp* и *Ba*. Полученный набор включает на данный момент 19 линий на основе ярового сорта мягкой пшеницы Саратовская 29, из которых окрашенным перикарпом обладают 5 линий, окрашенным алейроном – 4, одновременно и перикарпом, и алейроном – 4. Эти линии вместе с неокрашенными представляют интерес для сравнительных исследований, направленных на изучение взаимодействия регуляторных генов биосинтеза антицианов и оценку влияния антицианов на стрессоустойчивость растений пшеницы, качество зерна и хлеба, а также на характеристики хлебобулочных и кондитерских изделий. Полученные линии охарактеризованы по содержанию антицианов, антиоксидантной активности и качеству зерна. Некоторые линии и разработанная методика ускоренного отбора генотипов с нужными аллелями генов *Pp* и *Ba* используются в настоящее время для получения на основе элитных сортов яровой мягкой пшеницы новых сортов, зерно которых обогащено антицианами.

Благодарности: Работа в части получения и оценки линий с окрашенным алейроновым слоем выполнена в рамках темы государственного задания ИЦиГ СО РАН № 0324-2018-0018.

СОЗДАНИЕ НОВОГО ТИПА РЖАНО-ПШЕНИЧНЫХ АМФИДИПЛОИДОВ С ЦИТОПЛАЗМОЙ РЖИ – СЕКАЛОТРИТИКУМ

Гордей И.А.¹, Гриб С.И.^{2,*}, Люсиков О.М.¹, Буштевич В.Н.², Гордей И.С.¹

¹Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Республика Беларусь, г. Минск, ул. Академическая, 27; ²Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию, Республика Беларусь, г. Жодино, ул. Тимирязева, 1;
* triticale@tut.by

С целью усиления экспрессии генома ржи у тритикале ($\times Triticosecale$ Wittm.) нами разработана технология создания нового типа ржано-пшеничных амфидиплоидов с цитоплазмой ржи – секалотритикум ($S/AABBRR$, $2n=6x=42$) [1].

Технология включает следующие основные этапы создания и стабилизации генома секалотритикум:

- применение тетрапloidных сортов ржи ($S/RRRR$, $2n=4x=28$) в качестве материнского компонента гибридизации;
- применение в качестве отцовского компонента гибридизации вида-посредника (bridge species)
- источника геномов пшеницы и игибатора S-PHK-аз ржи – гексапloidных тритикале ($T/AABBRR$, $2n=6x=42$) для преодоления односторонней программной несовместимости ржи с пшеницей;
- эффект нормализации мейоза (формирование функциональных гамет различного хромосомного состава), обусловленный наличием базового диплоидного RR-набора хромосом ржи в составе генома ржано-тритикальных пентапloidных гибридов F_1 ($S/RRABR$, $5x=35$);
- использование явления частичной мейотической нередукции гамет у пентапloidов F_1 – формирования функциональных 21-хромосомных RAB-гамет;
- однократный беккросс ржано-тритикальных гибридов F_1 на тритикале, позволяющий реализовать генетическое разнообразие гибридов и сохранить гетерогенность R-геномов различного родительского происхождения;
- идентификацию линий гексапloidных секалотритикум ($S/AABBRR$, $2n=6x=42$) с применением кариотипирования (C-banding) и видоспецифического типирования ДНК хлоропластов и митохондрий.

С применением разработанной технологии и рекомбинационной селекции совместно Научно-практическим центром НАН Беларуси по земледелию и Институтом генетики и цитологии НАН Беларуси впервые создан и передан в ГСИ Республики Беларусь зимостойкий высокоурожайный сорт гексапloidного секалотритикум ИЗС2. В настоящее время коммерческих аналогов сорт секалотритикум не имеет.

[1]. Гордей И.А., Белько Н.Б., Люсиков О.М. Секалотритикум ($\times Secalotriticum$): генетические основы создания и формирования генома // 2011. Минск: Беларус. наука. 214 с.

ОСОБЕННОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОАДАПТАЦИИ ПРИ СЕЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ УСИЛЕНИЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ КЛИМАТА

Грабовец А.И., Фоменко М.А.

Россия, Федеральный Ростовский аграрный научный центр
grabovets_ai@mail.ru

За последние 20 лет заметно изменился климат в степной зоне Дона, и что крайне характерно при этом существенно усилилась его вариабельность. В пиковые периоды роста колосовых злаков продолжительность дней без осадков в мае-июне стала возрастать до 60 дней в сочетании с высокими температурами и часто интенсивными ветрами. Вот почему особенно важное значение при селекции озимой пшеницы в этой ситуации начинает приобретать проблема создания высокопродуктивных сортов, которые бы использовали меньшее количество влаги на синтез единицы сухого вещества, чем прежние, и имели более выраженную жаро- и засухоустойчивость, естественно в комплексе с другими основными признаками..

Под эту проблему была сконструирована определенная генетическая изменчивость, доступная отбору. Основные элементы её создания: гибридизация, существенное различие специально подобранных родительских пар по генам, определяющим селектируемые признаки, максимальная гетерогенность популяций (при рекомбинации новые схемы кроссинговера, затрагивающие ранее молчавшие зоны хромосом и др.), длительное по годам формообразование. В этом процессе основным генетическим механизмом является коадаптация : взаимное приспособление взаимодействующих аллелей по новым схемам канализированности, обусловленное их рекомбинацией. При длительном расщеплении это продолжается несколько лет в определенном направлении под давлением выше приведенных негативов среды. Не меньшее значение для особенностей канализированности аллелей в гетерогенной популяции имеет и направляющая роль селекции в этом процессе.

Механизмами воздействия при этом являются маркёры отбора по отдельным признакам, при помощи которых управляет формообразовательный процесс. Они были выявлены путем многолетних исследований. При оптимальном минеральном питании (это незаменимое условие создания новых генотипов) отталкивались от максимально рационального использования осенне-зимних запасов продуктивной влаги в метровом слое (150 мм). С целью экономии влаги понизили высоту соломины со 110 см до 70-90; повысили в два раза продуктивное кущение (затенили посев), одновременно стремились не нарушать стабильность существовавшего ранее веса надземной массы на единице площади (определяющего критерий роста продуктивности сорта). Выявили, что существуют генотипы с уменьшенным количеством потребляемой влаги для синтеза сухого вещества (это затрагивало особенности транспирации), что масса зерна с растения (с единице площади) в одинаковых со другими кроссоверами условиях –наиболее объективный показатель жаро-засухоустойчивости генотипа, важно было постепенно увеличивать уборочный индекс. Однако, здесь существует предел его максимальной выраженности. При его превышении урожайность рекомбинанта снижалась из-за уменьшения ёмкости депонирования метаболитов при фотосинтезе.

С учетом этих особенностей созданы кроссоверы, адекватные вызовам климата, на базе которых выделены сорт сорта нового поколения Губернатор Дона, Донэра, Донская лира, Боярыня, Вестница, Золушка, Донмира, Октава 15 и др.

ЗАВИСИМОСТЬ УРОЖАЙНОСТИ ОТ РАЗМЕРА ФЛАГОВЫХ ЛИСТЬЕВ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СЕЛЕКЦИИ «АНЦ «ДОНСКОЙ»

Громова С.Н.

ФГБНУ «Аграрный научный центр «Донской» 347740, г. Зерноград, Научный городок, 3.
LavrvaSVN@mail.ru

Большую роль для увеличения продуктивности играет генетический потенциал сорта. Учеными доказано, что величина и продолжительность работы фотосинтезирующей поверхности листьев – это основной фактор, лимитирующий урожайность в определенных условиях произрастания растений [1].

Целью исследований являлось изучение взаимосвязи между урожайностью зерна и размером флаговых листьев озимой мягкой пшеницы в конкурсном сортоиспытании.

Исследования проводили в 2017-2018 гг. Объектом исследования послужили 79 сортов и линий озимой мягкой пшеницы селекции ФГБНУ «АНЦ «Донской». За стандарт принимали сорт Ермак.

Анализ полученных данных показал, что урожайность образцов в КСИ варьировала от 9,5 до 12,2 т/га, со средним значением стандарта Ермак – 10,6 т/га. Достоверное превышение над стандартом показали 8 образцов, прибавки к сорту Ермак составили от 0,40 до 1,24 т/га. Урожайность имела слабую положительную связь с длиной и площадью флагового листа в 2017 г. ($r=+0,29$ и $r=+0,15$) и в 2018 г. ($r=+0,10$ и $r=+0,28$).

Длина флагового листа варьировала в пределах от 20,2 до 28,5 см. Регрессионный анализ показал, что при увеличении длины флагового листа урожайность образцов пшеницы повышалась в среднем от 9,1 до 10,4 т/га, т.е. каждый 1 см длины повышал урожайность на 0,15 т/га. Самыми урожайными были образцы с длинным флагом. Ширина флагового листа варьировала от 1,6 до 2,4 см. Анализ показал, что более урожайными были образцы пшеницы с шириной листа от 2,0 до 2,3 см (10,0-10,2 т/га).

Длина и ширина флагового листа имеет сильную положительную взаимосвязь с площадью флаговых листьев: в 2017 г. $r=+0,71$ и $r=+0,77$, а в 2018 г. $r=+0,85$ и $r=+0,82$. Площадь флагового листа колебалась в пределах от 19 до 40 см². При увеличении площади листовой пластинки от 19 до 30 см² урожайность пшеницы повышалась с 9,1 до 9,8 т/га, а затем до 40 см² стабилизировалась примерно на одном уровне.

Таким образом, размеры флаговых листьев озимой мягкой пшеницы можно использовать в качестве маркерных признаков при отборе продуктивных растений.

Список литературы:

- [1]. Некрасова О.А., Костылев П.И., Типы наследования длины, ширины флагового листа у гибридов F₁ мягкой озимой пшеницы. // 2014, Сб. статей II Междунар. научно- практической конференции молодых ученых, преподавателей, аспирантов, студентов, 94 с.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНА *Lr19* В ОБРАЗЦАХ КОЛЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ

Груздев И.В.^{1,2*}, Пырсиков А.С.¹, Гарибян Ц.С.^{1,2}, Коленков М.А.¹

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Российская Федерация, Москва, Тимирязевская, 42; ²Федеральное государственное образовательное учреждение высшего образования Российской государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Российская Федерация, Москва, Тимирязевская, 49;

*gruzdev82mtz@mail.ru

Тритикале – новая зерновая культура, активное распространение которой ставит ее в ряд наиболее хозяйственно востребованных культур. Наибольшую актуальность среди заболеваний тритикале в последнее время приобретает листовая ржавчина пшеницы, вызываемая патогеном *Russinia triticina* Erikss. Листовая ржавчина – одно из серьёзных заболеваний, потери урожая от которой может достигать 50%.

Будучи аллополиплоидом, тритикале сочетает в себе гены устойчивости к листовой ржавчине пшеницы и ржи, и, следовательно, обладает большим разнообразием ответных и защитных реакций. На сегодняшний день имеются сведения о 75-и генах устойчивости к листовой ржавчине (*Lr*-гены). Многие *Lr*-гены к настоящему моменту утратили свою эффективность. Использование молекулярных ДНК-маркеров позволяет эффективно вести отбор устойчивых форм. С их помощью осуществляется скрининг коллекций сортов и линий на наличие доноров *Lr*-генов. Ген *Lr19* был перенесен пшенице от *Thinopyrum ponticum* в хромосомы пшеницы гомеологичной группы 7. Ген *Lr19* в течение длительного времени считается одним из самых надёжных и получил большое распространение. Однако, имеются сообщения, что в ряде регионов Российской Федерации этот ген уже не обеспечивает устойчивости.

В результате проведённого ПЦР-анализа с использованием маркера LrAg было установлено, что у 43 из 179 образцов коллекции яровой тритикале амплифицируется фрагмент около 800 п.н., близкий к фрагменту 811 п.н., характерному для положительного контроля – носителя гена *Lr19*, моногенной линии сорта Thatcher, причем 14 образцов оказались популяциями, в которых встречаются растения, не несущие данного гена.

Выделенные образцы могут быть использованы в селекционном процессе на устойчивость к листовой ржавчине.

СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ В РОССИИ

Гульяева Е.И.

Всероссийский НИИ защиты растений, РФ, Санкт-Петербург-Пушкин,
ш. Подбельского 3
eigultyaeva@gmail.com

Бурая ржавчина – распространенное и значимое заболевание мягкой пшеницы во всех зонах ее возделывания. Селекция на устойчивость пшеницы к бурой ржавчине в России имеет длительную историю и проводится с начала 20 века. Для эффективной генетической защиты пшеницы важную роль играет разнообразие выращиваемых сортов по типам устойчивости и генам устойчивости (*Lr*-генам). Для выяснения возможного влияния растения-хозяина на изменчивость популяций патогена по вирулентности нами проводятся иммуногенетические исследования сортов пшеницы, включенных в Государственный реестр селекционных достижений (<http://reestr.gossort.com>). Они включают лабораторную и полевую оценку устойчивости сортов пшеницы к возбудителю бурий ржавчины и идентификацию у них *Lr*-генов с использованием фитопатологического теста и молекулярных маркеров.

Показано существенное возрастание в районировании сортов яровой и озимой пшеницы устойчивых к бурой ржавчине в 2010 годах, по сравнению с предыдущим периодом. Определено, что доля яровых сортов с ювенильной устойчивостью, обусловленной высоко или частично эффективными олигогенами, в Госреестре составляет свыше 20%. У них выявлено широкое распространение генов раскоспецифической устойчивости *Lr9*, *Lr19* и других чужеродных от *Aegilops speltoides* (*LrSp*) и *Agropyron intermedium* (*Lr6Agi1* и *Lr6Agi2*), неидентичных известным эффективным. Большинство сортов с геном *Lr19*, *Lr6Agi1* и *Lr6Agi2* возделывается в Поволжье, а с геном *Lr9* – на Урале и в Западной Сибири.

Ситуация с озимыми сортами несколько иная. Свыше половины изученных сортов, преимущественно рекомендованные для возделывания в Северо-Кавказском регионе, характеризовались определенным уровнем устойчивости в полевых условиях в фазах взрослых растений. В стадии проростков их тип реакции к бурой ржавчине менялся в зависимости от используемых клонов или популяций гриба от устойчивости до восприимчивости, что указывало на отсутствие у этих сортов высокоэффективных ювенильных *Lr*-генов. Молекулярный скрининг не выявил у них известных эффективных генов возрастной устойчивости (*Lr21*, *Lr35*). Только у одного озимого сорта Морозко (+*Lr1*) определен эффективный возрастной ген *Lr37*. С использованием молекулярных маркеров у устойчивых в полевых условиях озимых сортов выявлено широкое распространение малоэффективных ювенильных генов *Lr1*, *Lr10*, *Lr26* и гена частичной устойчивости (partial resistance gene) *Lr34*, которые встречались по отдельности или в разных сочетаниях. Можно предположить, что устойчивость этих сортов во взрослых фазах развития обеспечивается комбинацией генов с преодоленной эффективностью.

Полученные сведения о представленности *Lr*-генов в сортах пшеницы следует учитывать в региональных селекционных программах и при размещении новых генетически защищенных сортов.

СОЗДАНИЕ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКИХ ФОРМ ДЛЯ РАСШИРЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА ОСНОВЕ ГЕНОФОНДА ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ

Давоян Р. О.^{1,*}, Бебякина И. В.¹, Давоян Э. Р.¹, Миков Д. С.¹, Зубанова Ю. С.¹, Болдаков Д. М.¹,
Зинченко А. С.¹, Бадаева Е. К.², Салина Е. А.³

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Национальный центр зерна им. П.П. Лукьяненко», Краснодар, Россия; ²Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН», Москва, Россия; ³Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения РАН», Новосибирск, Россия

^{*} *davoyanro@mail.ru*

Генофонд многочисленных родственных мягкой пшенице дикорастущих видов трибы *Triticea* представляет значительный резерв генетического разнообразия для культурной пшеницы. Для большинства из них необходимо создание «мостиков» - синтетических форм с тем, чтобы их генетическое разнообразие преобразовать в форму, доступную для традиционной селекции. С этой целью были созданы синтетические геномно-замещенные формы Авродес (BBAASS), Аврозис (BBAAS^{sh}S^{sh}), Авролата (BBAAUU), Авротата (BBAAU^MU^M), Авроале (BBAARR) и геномно-добавленные формы *T. miguschovae* (GGAADD) и *Mutico italicum/Ae. squarrosa* (BBAADD). На их основе получены вторичные рекомбинантные синтетики (RS формы), у которых первые два генома A и B происходят от мягкой пшеницы, а третий (рекомбинантный) геном состоит из хромосом разных родственных пшенице видов - BBAASD, BBAASR, BBAASS^{sh}, BBAASU и BBA^GA^GSD. С использованием созданных синтетических форм получено большое количество интрагрессивных линий с устойчивостью к одной и более болезням, высоким содержанием белка и клейковины и другими ценными для селекции признаками. Установлено, что генетический материал диких видов в изученных линиях представлен в виде как одиночных транслокаций и замещенных хромосом, так и их комбинаций. В частности, с использованием методов C-banding и FISH идентифицированы линии, несущие 2 транслокации и 1-2 замещенные хромосомы от *T. miguschovae*: линия Д79п10 - T1BL.1RS + T5BS.5BL-6GL + T6BS.6BL-6GL + 1D(1D^t), 6D(6D^t); линия 985п13 - T5BS.5BL-5GL/N + T6BS.6BL-6GL + 1D(1D^t), 6D(6D^t). Интрагрессии от синтетической формы Авродес в основном затронули хромосомы генома D, при этом большинство изученных линий одновременно несут транслокации на хромосомах 2D и 5D. Транслокация от *Ae. speltoides* на 5D хромосоме является новой и поэтому можно предположить передачу нового гена(ов) от этого вида мягкой пшенице. К новым также относятся транслокации 7DS.7DL-T7US в линии 3379 и 2DS.2DL-2UL в линии 4626, полученные от синтетической рекомбинантной формы RS7 (BBAUS). С использованием ДНК-маркеров проведено изучение полученных интрагрессивных линий на наличие генов устойчивости к листовой ржавчине. Отобраны линии с комбинациями из 2-х и 3-х известных чужеродных генов, а также линии с не идентифицированными ранее генами устойчивости к этой болезни. С использованием полученных интрагрессивных линий к настоящему времени создано 5 сортов озимой мягкой пшеницы.

СОЗДАНИЕ ЦЕННОГО ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ПРИМЕНЕНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ MAS

Давоян Э.Р.*¹, Беспалова Л.А.¹, Давоян Р.О.¹, Болдаков Д.М.¹, Зубанова Ю.С.¹, Миков Д.С.¹, Агаева Е.В.¹, Филобок В.А.¹

ФГБНУ НЦЗ им. П.П. Лукьяненко, Россия, Краснодар, центральная усадьба КНИИСХ, 350012
* *davayan@rambler.ru*

Приведены результаты по MAS (селекции с помощью молекулярных маркеров) мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) в НЦЗ им. П.П. Лукьяненко. Данный подход сочетает интrogрессию необходимого гена(ов) методом беккроссов и последующий маркерный отбор по генотипу. Проведён анализ 2816 образцов мягкой пшеницы на присутствие молекулярных маркеров, сцепленных с генами Lr9, Lr24, Lr26, Lr34, Lr37, детерминирующих устойчивость к листовой ржавчине (*Puccinia triticina* Erikss.). Отобраны образцы, несущие как единичные гены, так и их комбинации: Lr24+Lr26, Lr26+Lr37, Lr9+Lr26, Lr9+Lr37, Lr34+Lr37, Lr9+Lr24, Lr24+Lr37, Lr24+Lr26+Lr37, Lr24+Lr26+Lr9. Изучено 352 линии мягкой пшеницы по аллельным вариантам генов WxA1, WxB1, WxD1, кодирующих синтез амилозы в крахмале. Выявлено 64 линии с функциональным аллелем WxB1e, отличным от такового дикого типа. Отобраны линии, несущие нуль аллели генов WxA1, WxB1, WxD1: 147, 58 и 90 соответственно. 113 линий несли сочетание из 2х и 3х нуль-аллелей генов WxA1, WxB1, WxD1. Идентифицированы аллели генов короткостебельности или карликовости Rht1, Rht2, Rht-11, Rht8. В 249 образцах идентифицирована аллель RhtB1b (ген Rht1), 178 образцов несут аллель RhtD1b (ген Rht2), в 190 образцах обнаружена аллель RhtB1e (ген Rht11). Ген Rht8 найден в 461 исследованном образце. С использованием аллель-специфичных праймеров проведен анализ аллельного состава генов Ppd-1 (photoperiod response), Vrn-1 (vernalisation response), определяющих фотопериодическую чувствительность и потребность в яровизации у 835 образцов мягкой пшеницы. Согласно идентифицированным аллелям образцы распределились по 23 полиморфным гаплотипам. В изученных образцах преобладает доминантный аллель гена Ppd-D1a, обеспечивающий нейтральную реакцию на фотопериод. У большинства образцов присутствует рецессивный аллель хотя бы одного гена Vrn, что приводит к увеличению сроков колошения при отсутствии яровизации. В 115 образцах выявлена комбинация рецессивных аллелей локусов Vrn-1, что определяет озимый тип развития этих растений. Выявлены перспективные линии, которые могут успешно развиваться по озимому и яровому типу.

Таким образом, с использованием MAS получен новый, ценный для селекции мягкой пшеницы исходный материал.

МЕЖЛОКУСНОЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ ГЕНОВ НИЗКОСТЕБЕЛЬНОСТИ ПШЕНИЦЫ И РЖИ В ГЕНОМЕ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ

Дивашук М.Г.^{1,2}

¹ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Россия, Москва, 127550 Тимирязевская ул., 49;

²ФГБНУ ВНИИСБ, Россия, Москва, 127550 Тимирязевская ул., 42

divashuk@gmail.com

Тритикале – важная сельскохозяйственная культура, которая получает всё большее распространение по всему миру благодаря усилиям селекционеров и генетиков. Несмотря на значительный прогресс, у тритикале до сих пор имеется ряд выраженных недостатков, один из которых – полегание. Интровергессия генов низкостебельности пшеничного и ржаного происхождения позволяет эту проблему решить. В российских сортах яровой тритикале из 24 известных генов пшеницы одним из распространённых является *Rht-B1b* [1, 2]. Наиболее значимый среди генов ржи *Ddw1* был перенесён только в озимую тритикале, в яровой он не встречается [2]. Нами была поставлена цель изучить эффект и взаимодействие генов низкостебельности пшеницы *Rht-B1b* и ржи *Ddw1* на высоту и элементы структуры урожайности в трёх популяциях *F₂* в условиях вегетационного опыта и *F₃* в условиях полевого опыта.

Для исследований мы получили три сопряжённые популяции в результате проведения следующих схем скрещиваний: Хонгор (*Rht-B1b Ddw1*)×Дублет(*Rht-B1b ddw1*); Мудрец (*Rht-B1a Ddw1*)×Дублет(*Rht-B1b ddw1*); Валентин 90 (*Rht-B1a Ddw1*)×Дублет(*Rht-B1b ddw1*). Растения родительских форм, гибридов *F₁* и популяции *F₂* и *F₃* генотипировались с помощью ПЦР-маркеров [3].

Как в вегетационном, так и в полевом опытах нами показано, что наличие *Ddw1* приводит к снижению высоты в среднем на треть, а наличие эффекта *Rht-B1b* маскировалось более сильным влиянием *Ddw1*. При этом *Ddw1* проявил негативный эффект на элементы структуры урожайности: наличие *Ddw1* снижало массу 1000 зёрен и массу зерна с главного колоса. Присутствие в геноме пшеничного гена *RhtB1b* увеличивало число зёрен в главном колосе и увеличивало массу зерна в главном колосе.

Таким образом, *Ddw1* довольно сильно снижает высоту растений, так что одновременное присутствие *Rht-B1b* не оказывает дополнительного эффекта. При этом *Ddw1* отрицательно влияет на продуктивность растений. В свою очередь, *Rht-B1b* обладает выраженным плейотропным положительным эффектом на элементы структуры урожайности. Это свойство *Rht-B1b* позволит компенсировать негативное влияние гена *Ddw1* при селекционной работе по созданию низкостебельных форм яровой тритикале.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РНФ № 17-76-20023.

Библиография

- [1]. Divashuk M.G., Fesenko I.A., Karlov G.I., Bespalova L.A., Vasilev A.V., Puzyrnaya O.Y. Reduced height genes and their importance in winter wheat cultivars grown in southern Russia. // 2013, Euphytica, 190 (1), P. 137-144.

[2]. Korshunova A. D., Divashuk M. G., Soloviev A. A., Karlov G. I. Analysis of Wheat and Rye Semidwarfing Gene Distribution in Spring Hexaploid Triticale (*Triticosecale Wittm.*) Cultivars and Breeding Lines. // 2015, Russian Journal of Genetics, 51(3), P. 272–277.

[3]. Коршунова А.Д., Дивашук М.Г., Даебль И.А.М.А., Карлов Г.И.. Соловьев А.А. Валидация ДНК-маркеров генов короткостебельности у тритикале (*Triticosecale Wittm.*) // 2014, Известия ТСХА, 3, с. 21-31.

ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТОВ МЯГКОЙ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ ПО АЛЛЕЛЯМ ГЕНОВ ПУРОИНДОЛИНОВ *Pina* и *Pinb*

Долматович Т.В.¹, Гриб С.И.^{2,*}, Булойчик А.А.¹, Лемеш В.А.¹, Буштевич В.Н.²

¹*Институт генетики и цитологии НАН Беларусь, Республика Беларусь, 220072, г. Минск, ул. Академическая, 27;* ²*Научно-практический центр НАН Беларусь по земледелию, Республика Беларусь, 220072, г. Жодино, ул. Тимирязева, 1*

** triticale@tut.by*

Важным показателем мукомольных свойств пшеницы является характеристика текстуры эндосперма, которая определяет производственное назначение муки. Твердозерность контролируется локусом *Ha* картированным в коротком плече хромосомы 5D. Он содержит в своем составе гены *Pina-D1* и *Pinb-D1*, кодирующие белки-пуроиндолины и ген *GSP1*, кодирующий белок мягкозерности. Аллельный состав генов *Pina-D1* и *Pinb-D1* определяет свойства твердозерности или мягкозерности сортов пшеницы. В случае присутствия в обоих генах аллелей дикого типа *Pina-D1a* и *Pinb-D1a* пшеница является мягкозерной, если один из этих генов является мутантным – пшеница относится к твердозерной.

Проведен скрининг 27 сортов мягкой яровой пшеницы, внесенных в Государственный реестр сортов Республики Беларусь в 2019 г. на присутствие аллелей генов пуроиндолинов *Pina-D1* (*Pina-D1a* и *Pina-D1b*) и *Pinb-D1* (*Pinb-D1a*, *Pinb-D1b*, *Pinb-D1c*, *Pinb-D1d*) с помощью диагностических STS и TS-PCR маркеров, разработанных Huang X-Q. и Blure-Babel A. [1].

В результате исследований выявлено, что большинство среди изученных сортов яровой пшеницы относятся к твердозерным, так как в их генотипе выявлены мутантные аллели: *Pinb-D1b*, *Pinb-D1c*, *Pinb-D1d*. Исключение составили сорта Мадонна и Сабина (Беларусь), которые оказались носителями аллелей дикого типа *Pina-D1a* и *Pinb-D1a*.

В сортах яровой пшеницы: Дарья, Ласка, Любава (Беларусь), Славянка (Беларусь, Россия), Triso, Sorbas (Германия), Korynta (Польша), Venera (Сербия), Septima (Чехия) идентифицирован мутантный аллель *Pinb-D1b*. Носителями аллеля *Pinb-D1c* были сорта: Ростань, Рассвет, Тома, Василиса, Монета, Награда (Беларусь), Сударыня, Ладья (Беларусь, Россия), Quattro, Kvintus (Германия), Koksa, Mandaryna, Serenada (Польша) и Canuck (Франция). Сорт Verbena (Польша) оказался гетерогенным по аллелям *Pinb-D1a*, *Pinb-D1b* и *Pinb-D1c*. Фрагменты амплификации, характерные для мутантного аллеля *Pinb-D1d* присутствовали у сорта пшеницы Эврика (Беларусь).

Сорта мягкой яровой пшеницы с идентифицированными аллелями генов *Pina-D1* и *Pinb-D1* могут служить исходным материалом при целенаправленном создании генотипа нового сорта с заданными значениями твердости и мягкости эндосперма, а также использоваться в качестве положительного контроля при проведении молекулярно-генетических исследований.

[1]. Huang X-Q., Blure-Babel A., Development of simple and co-dominant PCR markers to genotype *puroindoline a* and *b* alleles for grain hardness in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) // 2011, J of Cereal Science, V.53, P. 277–284.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОНТРОЛЯ ПРИЗНАКОВ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ АДАПТАЦИЮ И УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕССАМ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ГЕНЕТИЧЕСКИ МАРКИРОВАННЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Ефремова Т.Т.*[,] Чуманова Е.В.

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск,
пр. акад. Лаврентьева, 10;
* efremova@bionet.nsc.ru

Генетический анализ признаков адаптивности и стрессоустойчивости проводится нами с использованием специально создаваемых линий мягкой пшеницы, маркированных генам перенесенными от различных видов злаков и сортов пшеницы. Одним из примеров адаптации пшеницы к условиям среды является тип развития (яровой, озимый, факультативный) и продолжительность вегетационного периода. Основные различия в скороспелости пшеницы связаны с генами *VRN*. Гены *VRN* тесно сцеплены с генами холода-морозостойкости *Fr* (cold/freezing tolerance). Гены *Vrn-A1/Fr-A1*, *Vrn-B1/Fr-B1* и *Vrn-D1/Fr-D1* локализованы в длинном плече хромосом 5A, 5B и 5D соответственно. У ржи (*Secale cereale* L.) ген *Vrn-R1*, определяющий тип развития локализован в хромосоме 5R.

Нами созданы модельные линии мягкой пшеницы с разными аллелями генов *VRN-1* и *Vrn-4*, и впервые с их помощью проведены экспериментальные исследования по изучению роли полиморфизма аллелей генов *VRN-1* в регуляции продолжительности вегетационного периода и длительности прохождения отдельных фаз развития. Показано, что изогенные линии по озимому сорту Безостая 1 с разными аллелями *Vrn-B1c* и *Vrn-B1a* зимуют в условиях лесостепной зоны Приобья Новосибирской области, что позволяет отнести их к пшеницам-двуручкам. На примере пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных линий впервые экспериментально установлено влияние хромосомы 5R ржи на продолжительность вегетационного периода и зимостойкость. Получены пшенично-чужеродные линии с множественными замещениями/транслокациями с целью комбинирования в одном генотипе нескольких чужеродных генов, контролирующих адаптацию, устойчивость к биотическим и абиотическим стрессам и морфобиологические признаки. С целью комбинирования нескольких чужеродных генов, локализованных в различных хромосомах генома, контролирующих устойчивость к болезням (*Lr26/Pm8/Sr31 + Lr19/Sr25 + Lr6Ai/Sr6Ai/Pm6Ai*), голубую окраску зерна (*Ba1*), тип развития и продолжительность вегетационного периода (*vrn-R1*) созданы несколько реципрокных гибридов и отобраны генотипы с заданной комбинацией генов. Исследованы особенности формирования изучаемых признаков в зависимости от комбинаций чужеродных хромосом или их сегментов. Получены линии сорта Саратовская 29 с комбинацией генов *Pp* и *Ba1*, определяющих пурпурную окраску перикарпа голубую окраску алейронового слоя зерна соответственно. Они получены на основе изогенных линий, созданных ранее в нашей лаборатории.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ 17-04-00721 и бюджетного проекта 0324-2018-0018.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ СОРТОВ РИСА НА ПОВЫШЕНИЕ ПРОДУКТИВНОСТИ И УСТОЙЧИВОСТИ К СТРЕССОВЫМ ФАКТОРАМ СРЕДЫ

Зеленский Г.Л.^{1,2*}, Зеленская О.В.²

¹ФГБНУ «Всероссийский НИИ риса», Россия, Краснодар, пос. Белозерный, 3; ²ФГБОУ ВО «Кубанский ГАУ им. И.Т. Трубилина», Россия, Краснодар, ул. Калинина, 13
*zelensky08@mail.ru

Рис является основной крупяной культурой Российской Федерации. В Краснодарском крае производится более 80 % российского риса. Последние годы урожайность культуры здесь составляет 7,1-7,3 т/га. Производство кубанского риса в 2016 г. достигло 1 млн. т. Это стало возможным за счет внедрения новых сортов риса, адаптированных к местным условиям, и совершенствования агротехники их выращивания.

В Всероссийском НИИ риса создаются разнотипные сорта, отвечающие требованиям современного производства. В Госреестр РФ включено и допущено к использованию более 30 сортов кубанской селекции.

Одним из основных направлений является селекция высокопродуктивных сортов риса, устойчивых к стрессовым факторам среды. Среди последних особо выделяются болезни, прежде всего пирикуляриоз, засоление почвы, суховей в сочетании с температурой воздуха выше 35 °С в период цветения и налива зерна.

Создание сортов риса, устойчивых к пирикуляриозу, ведется с учетом установленных фитопатологами в европейской части России эффективных генов *Pi-z*, *Pi-z'*, *Pi-ta*², *Pi-b*. Выделенные из коллекции образцы риса *Maratelli 5 A* и ВНИИР 7630, явились донорами гена *Pi-z* при формировании гибридных популяций, из которых отселектированы сорта с расособспецифической устойчивостью к пирикуляриозу: Бластоник, Витязь, Талисман, Водолей и Снежинка. В последующей работе эти сорта использованы в качестве родительских форм при селекции сортов нового поколения: Атлант, Кумир, Южный, Гамма, Олимп. Эти сорта, внесенные в Госреестр РФ селекционных достижений, допущенных к использованию, отличаются высокой продуктивностью и устойчивостью к пирикуляриозу.

У неустойчивых к воздушной засухе сортов риса увеличивается стерильность колосков, формируется щуплое зерно и, как следствие, снижается урожайность.

В результате внутривидовой гибридизации создан длиннозерный сорт Австрал, у которого, в отличие от всех возделываемых сортов риса, при повышении температуры выше 28 °С листья сворачиваются в трубку. При этом происходит уменьшение площади испарения, растение меньше тратит энергии на охлаждение и не снижает продуктивность. Австрал внесен в Госреестр РФ охраняемых селекционных достижений. Был составлен его примерный генотип: *sd*, *an*, *Wh*, *Lp*, *Lx*, *Ik*, *Aul*, *Lg*, *J*, *rl*, *er*. При использовании Австрала в качестве донора признака сворачиваемости листьев получен принципиально новый селекционный материал для создания высокопродуктивных сортов риса, устойчивых к воздушной засухе.

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ АЛЛЕЛЕЙ Sd2H и Sd3 ГЕНА Bmyl ВЫСОКОТЕРМОСТАБИЛЬНОЙ β-АМИЛАЗЫ НА ПОКАЗАТЕЛИ КАЧЕСТВА ЯЧМЕНИ ПИВОВАРЕННОГО

Зубкович А.А.^{1*}, Давыденко О.Г.², Луханина Н.В.², Шимкевич А.М.², Зубкович Н.В.¹ Марчук О.В.¹

¹ Научно-практический центр НАН Беларусь по земледелию, Республика
Беларусь, 220072, г. Жодино, ул. Тимирязева 1; ² Институт генетики и цитологии НАН Беларусь,
Республика Беларусь, 220072, г. Минск, ул. Академическая, 27.

^{*} aa_zoubkovich@mail.ru

При создании пивоваренных сортов, помимо хозяйствственно-биологических свойств, селекционеры стремятся улучшить показатели качества зерна непосредственно влияющие на конечный выход пива (содержание белка, экстрактивность, фриабильность и другие). Заслуживают также внимания работы, предполагающие снижение затрат в пивоварении за счет включения в создаваемые сорта аллелей гена Bmyl, например Sd2H или Sd3, обеспечивающих повышенную термостабильность β-амилазы. Однако, в современных коммерческих пивоваренных сортах эти аллели практически отсутствуют [1]. Имеются отдельные публикации влияния аллелей Sd2H и Sd3 на хозяйствственно-биологические свойства пивоваренного ячменя [2].

В данной работе предпринята попытка разобраться сознательно или случайно «потеряны» аллели Sd2H и Sd3 в новейших пивоваренных сортах и оценить целесообразность их присутствия во вновь создаваемых.

Ранее нами были созданы и зарегистрированы в Национальном каталоге Белгенбанка образцы Bmyl 1 (3_F₄ C.I.3551/Shuffle⁶), Bmyl 2 (12_F₄ к-29314/Shuffle⁶), Bmyl 3 (18_F₄ C.I.3552/Shuffle⁶), которые являются морфологически приближенными аналогами коммерческого сорта с аллелями Sd2H и Sd3 гена Bmyl.

Для всесторонней оценки, сравнительное изучение образцов Bmyl 1, Bmyl 2, Bmyl 3 и сорта Shuffle проведено на 6 различных фонах. На фоне 1 использовался технологический регламент возделывания кормового ячменя, на фоне 2 - пивоваренного ячменя. Фон 3 отличался от фона 2 уменьшенной на 25% нормой высева, а фон 4 - увеличенной на 25%. Фон 5 включал элементы фона 2, но был посев был произведен на 14 дней позже. В фоне 6 дополнительно к элементам фона 2 была проведена подкормка N₆₀ в фазу ДК 31-35 и внесён фунгицид в фазу ДК55.

Не выявлено достоверных различий ($P \leq 0,05$) по высоте растений, урожайности и выравненности зерна, экстрактивности, фриабильности, вязкости, содержанию в зерне белка, жира, золы, безазотистых экстрактивных веществ. Наблюдаются различия между Bmyl 1 и Shuffle по массе 1000 зерен и между Bmyl 2 и Shuffle по содержанию в зерне золы на 5% уровне значимости. На основании полученных данных можно предположить, что аллели Sd2H и Sd3 β-амилазы не влияют на изученные показатели качества ячменя пивоваренного и могут использоваться в селекции пивоваренных сортов, однако, для окончательного вывода планируется изучить их влияние на технологические показатели качества солода (содержание аминного азота, время осахаривания, диастатическая сила, йодное число, конечная степень сбраживания).

[1]. Chiapparino E., Paolo D., Reeves J., Tuberosa E. Distribution of β -Amylase I haplotypes among European cultivated barleys (2006). Molecular Breeding, 18:341–354.

[2]. Луханина Н.В., Шимкевич А.М., Давыденко О.Г., Зубкович А.А. Поиск Sd3/Sd2H аллелей высокотермостабильной β -амилазы у стародавних сортов ячменя (2013). *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*, 171:17-20.

ИЗУЧЕНИЕ СОРТОВ И ЛИНИЙ ОЗИМОЙ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ КОНКУРСНОГО СОРТОИСПЫТАНИЯ В «АНЦ «ДОНСКОЙ»

Каменева А.С.

*Федерально государственное бюджетное научное учреждение «Аграрный научный центр «Донской», Россия, г. Зерноград, Научный городок, 3
kameneva.anka2016.@yandex.ru*

Твердая озимая пшеница для условий Дона – культура новая и в эволюционном отношении молодая. Селекционная работа по ней ведется с 1957 года. Народнохозяйственная ценность зерна твердой пшеницы определяется его высокими технологическими достоинствами и прежде всего исключительной упругостью, прочностью и растянутостью клейковины. Благодаря высокостекловидному, янтарно-желтому зерну с повышенным содержанием белка и клейковины, хорошей сбалансированности глиадина и глютенина (2:1), лучшим аминокислотным составом, особым физическим свойствам тест, способности давать специальную крупнозернистую крупу она является единственным сырьем для изготовления высококачественных макаронных изделий

Цель работы – изучить сорта и линий озимой твердой пшеницы в конкурсном сортоиспытании по основным хозяйствственно-ценным признакам и свойствам и выявить корреляционную зависимость между ними.

Исследования проводили на полях научного севооборота отдела селекции и семеноводства озимой пшеницы ФГБНУ «АНЦ «Донской» в 2016-2017 годах. Материалом для исследований послужили 15 сортов и селекционных линий озимой твердой пшеницы селекции АНЦ «Донской». В качестве стандарта использовался сорт Дончанка.

Анализ полученных данных позволяет сделать следующие выводы:

В 2016-2017 гг. все изучаемые сорта и линии озимой твердой пшеницы превысили стандартный сорт Дончанка по урожайности на 0,29-1,49 т/га. Прибавку более 1 тонны имели следующие образцы: 840/12 (8,42 т/га), Кристелла (8,62 т/га), 993/12 (8,74 т/га), Лазурит (8,76 т/га), Янтарина (8,89 т/га).

Высокой устойчивостью к полеганию отличались: Юбилярка, Агат Донской, Тейя, Яхонт, 840/11, 840/12.

Максимальную оценку перезимовки (4,5-5 балла) имели следующие образцы: Амазонка, Кристелла, Оникс, Диона, 840/12.

Также изучаемые сорта и линии характеризовались высокими показателями качества (натура, стекловидность, содержание белка). В среднем за два года наибольшей натура зерна была у следующих сортов и линий: Янтарина (819 г/л), 993/12 (809 г/л), Эйрена (808 г/л), Кристелла и Тейя (807 г/л).

Стекловидность зерна у изучаемых сортов и линий была высокой, максимальные значения данного показателя отмечены у сортов: Оникс (98 %), Юбилярка (96 %), Амазонка и Лазурит (95 %).

Самым высокобелковым оказался сорт Яхонт (14,64 %).

В результате корреляционного анализа отмечены достоверные положительные связи урожайности с высотой растений и натурой зерна ($r=0,65$ и $0,59$, соответственно).

НОВЫЕ АСПЕКТЫ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНА *PPD-B1* МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ЕГО ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ

Киселёва А.А.^{1,*}, Салина Е.А.¹

¹Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Россия, г.Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева 10

* antkiseleva@bionet.nsc.ru

Адаптация мягкой пшеницы к широкому спектру климатических условий во многом стала возможной благодаря варьированию такого важного признака, как время колошения.

В данное исследование были взяты две пары почти изогенных линий, полученных от скрещивания рано переходящего к колошению сорта Sonora и поздно переходящей к колошению линии ФЧЛ2. С помощью SSR-маркирования был выявлен локус на хромосоме 2B, ассоциированный с изучаемым признаком. Более детальный анализ показал, что ген *PPD-B1*, являющийся одним из наиболее значимых регуляторов цветения пшеницы, находится в данном локусе и детерминирует различия линий по фенотипу. Секвенирование данного гена позволило выявить инсерцию/делецию и несколько SNP, отличающих изучаемый аллель от других доминантных аллелей. Методом количественного ПЦР было установлено, что нечувствительный к фотопериоду *Ppd-B1a^{cny}* характеризуется увеличенным числом копий.

Одним из нерешенных вопросов на сегодняшний день остается вопрос регуляции экспрессии аллеля *Ppd-B1a^{cny}* с увеличенным числом копий. В результате биоинформационического анализа промоторных областей генов *PPD-1*, предложен механизм модуляции экспрессии аллеля *Ppd-B1a* с увеличенным числом копий гена с участием транскрипционных факторов MADS-box.

Для анализа взаимодействия генов, контролирующих время колошения, с использованием модели почти изогенных линий и их родительских форм, был проведен анализ паттернов суточной экспрессии генов *PPD-1* вместе с генами, вовлеченными в восприятие света (*PHYA*, *PHYB*, *PHYC*), и переход к цветению (*VRN-1*, *TaFT1*) и рассмотрены их взаимодействия. По результатам осуществленных в данной работе анализа корреляций паттернов экспрессии, и анализа промоторов *in silico*, впервые сделано предположение о возможном позитивном влиянии нечувствительного к фотопериоду *Ppd-B1a* на экспрессию *PHYC* в ночное время. Эту гипотезу подтверждают данные об увеличении количества белка фитохрома у линий с доминантными *PPD-1* аллелями.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СЕЛЕКЦИИ СОРТОВ УНИВЕРСАЛЬНОЙ РЖИ С НИЗКИМ СОДЕРЖАНИЕМ ВОДОРАСТВОРИМЫХ АРАБИНОКСИЛАНОВ, ЗЕРНО КОТОРЫХ ПРИГОДНО ДЛЯ ЗЕРНОФУРАЖНОЙ И ХЛЕБОПЕКАРНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ

Кобылянский В.Д., Солодухина О.В.*

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская 42, 44

* osolodukhina@yandex.ru

Использование зерна ржи на корм животным ограничено наличием в нем большого количества (1,7-3,0%) водорастворимых пентозанов (арабинозы и ксилозы) - ВАК, что в 3 раза больше, чем в зерне других зерновых культур. Арабиноксиланы в желудке животных образуют слизи, которые не гидролизуются ферментами животных и не сбраживаются дрожжами и в результате ограничивают доступ пищеварительных ферментов к питательным веществам зерна и препятствуют всасывание продуктов пищеварения. В ВИРе в 2004-2016 гг. проведены исследования по развитию нового направления в селекции зернофуражной ржи – «Создание ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов в зерне». В результате исследований определена роль пентозанов в «жизни» растений. Изучено наследование, изменчивость и экспрессия низкого содержания ВАК в зерне. Установлено полигенное рецессивное наследование признака. Показано сохранение низкого содержания ВАК ржи при изменении внешних условий среды. Выявлена анатомо-морфологическая обусловленность зерна и признака ВАК и определен диагностический маркер низкопентозанности. Изучение 502 образцов коллекции ржи из мирового генофонда показало, что их популяции содержат формы растений с низким (0,5-0,8%) содержанием ВАК в зерне с частотой 0,1-50%. Среди них только 5 популяций содержат 20% низкопентозановых зерновок и 3 – 40-50% таких зерновок. Выявлено уменьшение на 40-60% толщины перикарпия и алайронового слоя низкопентозановых зерновок по сравнению с высокопентозановыми. Эта причинно-следственная связь, указывающая на место локализации арабиноксиланов, позволила сформулировать стратегию и разработать технологию селекции и семеноводства низкопентозановой ржи. Совместно с селекционерами других научных учреждений созданы и в 2016-2018 гг. районированы 5 сортов зернофуражной ржи, зерно которой не образует вязких слизей в желудке животных и характеризуется высокой поедаемостью и по питательной ценности превосходит все зерновые культуры. В связи с этим снижение конверсии корма может достигать 42% по сравнению с традиционными кормами. По хлебопекарным свойствам не отмечено значительных различий муки из зерна низкопентозановых и хлебопекарных сортов. У низкопентозановых сортов по сравнению с традиционными отмечено незначительное уменьшение выхода отрубей при увеличении выхода муки на 6-18%. По хлебопекарным свойствам зерно с низким содержанием ВАК не выходит за пределы, установленные Государственными стандартами.

ИСТОЧНИКИ ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ В СЕЛЕКЦИИ ТРИТИКАЛЕ НЦЗ ИМ.П.П. ЛУКЬЯНЕНКО

Ковтуненко В.Я., Панченко В.В.*, Калмыш А.П.

ФГБНУ «Национальный центр зерна им. П.П. Лукьяненко», Российская Федерация, г. Краснодар,
г. Краснодар-12, щ/у КНИИСХ,
* wheat@mail.ru

Одной из составных частей нашей селекционной программы по тритикале является широкое использование коллекционного материала ВИР им. Н.И. Вавилова, а также путём обмена с научными учреждениями России и зарубежья, выявление среди них источников хозяйственно ценных признаков. С 1975 года изучено 2451 образцов: озимой тритикале – 1497, яровой – 762, озимой ржи – 192. Выделены и вовлечены в селекционную работу наиболее эффективные источники основных признаков из России, Украины, Белоруссии, Польши, Чехии, Франции, Японии, Мексики, Аргентины, Чили:

-зерновой продуктивности и выполненности зерновки: Реалист, Визерунок, АДП-2, Утро, Presto, Fredro, Moderato, Tulus, Tarzan, Консул, Зимогор, Ацтек, Атаман Платов, Тихон, Венец, Сват, яровые Дуплет, Кунак, Ярик, Браво, Полесье, Ровня;

-высокой морозостойкости: Цекад 90, Шанс, Зимогор, Алмаз, Атаман Платов, Мудрец, Авангард, Князь, Берекет, Уллубий, АДП -2;

-короткостебельности: АД-60, Хонгор, К-119, ПРАГ-530, ПРАГ-538, СД 3295, Ярило, Аякс, Grenado, Тихон, Пилигрим, Тит, рожь Альфа полукарликовая;

-скороспелости: Перун, АД-60, Каприз, ПРАГ7, Благодатный, Утро, Color, Triskel, Орлик, Сват, Венец, Тихон, рожь-двуручка Hagiuchiban; яровые тритикале Ryekko, Fahad 5, Ярило;

-урожайности зелёной массы: Простор, Одесский кормовой, Аграф, Торнадо, Don Frank, Хот;

-устойчивости к бурой ржавчине: ПРАГ 530, ПРАГ 520, Ника 5, Регион, Консул, Краковяк, Топаз; Triticale L-1, Мамучар, Moderato, Валентин 90, Сват, Венец, SGU-88/91, АДМ-14, Гармония, Амур, Визерунок, Ярило;

-высоких хлебопекарных свойств: Валентин 90, Цекад 90, Тит, яровые Хлебодар харьковский, Каравай харьковский, MX-66 [1].

Применяемая нами схема селекции позволила создать сорок один сорт озимого и шесть сортов ярового тритикале. Озимые сорта Тихон, Берекет, Трудяга, Уллубий, Инал, Уралан, Венец, Слон, Илия и яровые Савва и Тимур в настоящее время проходят государственное испытание.

[1]. Ковтуненко В.Я., Достижения и направления селекции тритикале в ГНУ им. П.П. Лукьяненко / Ковтуненко В.Я., Панченко В.В., Калмыш А.П., Тимофеев В.Б., Дудка Л.Ф. // В сборнике: 100 лет на службе АПК: традиции, достижения, инновации ГНУ Краснодарский НИИСХ имени П.П. Лукьяненко, Краснодар, 2014. С. 80-94.

ХАРАКТЕРИСТИКА ОБРАЗЦОВ *AEGILOPS TAUSCHII* И *AEGILOPS UMBELLULATA* НОВЫХ ПОСТУПЛЕНИЙ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ПО ЭФФЕКТИВНОЙ ЮВЕНИЛЬНОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ И НАЛИЧИЮ ИЗВЕСТНЫХ ГЕНОВ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНОСТИ

Колесова М.А., Сидоров А.В.¹, Тырышкин Л.Г.¹, Белоусова М.Х.¹, Бекиш Л.П.², Чикида Н.Н.^{1,*}

¹ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ² ФГБНУ ЛЕНИНГРАДСКИЙ НИИСХ "БЕЛОГОРКА", Ленинградская область, Россия

* n.chikida@vir.nw.ru

Ранее была показана крайняя узость генетического разнообразия образцов мягкой пшеницы из коллекции ВИР по эффективной ювенильной устойчивости к вредоносным грибным болезням – листовой ржавчине (возбудитель *Puccinia recondita*), септориозу (*Stagonospora nodorum*), темно-буровой листовой пятнистости (*Bipolaris sorokiniana*). Один из путей расширения этого разнообразия – интродукция гибридизация с близкими родичами пшеницы, в том числе с представителями рода *Aegilops* L., среди которых особый интерес представляют образцы *Ae. tauschii* и *Ae. umbellulata*. Проведенные ранее исследования позволили выделить у данных видов образцы, высокоустойчивые к перечисленным болезням, однако эти исследования проведены достаточно давно (устойчивость может быть потеряна в результате микроэволюционных процессов в популяциях возбудителей) и на ограниченном наборе образцов. Известно, что высокорослые растения в целом сильнее поражаются септориозом и темно-буровой листовой пятнистостью, вследствие чего выделение короткостебельных форм, обладающих эффективной устойчивостью к эти болезням – актуальная задача. Целью работы являлось изучение ювенильной устойчивости образцов новых поступлений данных видов в коллекции ВИР, ранее выделенных устойчивых форм, а также их характеристика по высоте растений. Среди образцов *Ae. tauschii* выделены устойчивые ко всем 3-м болезням, среди *Ae. umbellulata* – высокоустойчивые к листовой ржавчине. Наличие известных эффективных генов резистентности к ржавчине *Lr9* и *Lr41* изучали с помощью фитопатологического теста и ДНК-маркирования. Выявлены образцы эгилопсов, защищенные данными генами резистентности. У короткостебельных форм проведено ДНК-маркирование генов *Rht2* и *Rht8*. В результате работы выделены образцы эгилопсов, перспективные для интродукции гибридизации с мягкой пшеницей.

ИССЛЕДОВАНИЕ РЕГЕНЕРАЦИОННОГО ПОТЕНЦИАЛА СОРТОВ ЯЧМЕНЯ

Короткова А.М.¹*, Герасимова С.В.¹, Кукоева Т.В.¹, Хлесткина Е.К.^{1,2}

¹ИЦИГ СО РАН, Россия, Новосибирск, пр.ак.Лаврентьева, 10;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* korotkova@bionet.nsc.ru

В последние годы активно развиваются методы геномного редактирования, и расширяется их применение в селекции сельскохозяйственных растений [1]. Использование данных методов на однодольных растениях имеет свои ограничения [2], связанные, в частности, с эффективностью регенерации, которая может значительно варьировать у различных сортов одного вида. Способность разных сортов к регенерации *in vitro*, и определяющие эту способность генетические факторы во многом еще не изучены.

Для оценки регенерационного потенциала были выбраны сорта ярового ячменя сибирской коллекции: Биом, Талан, Ворсинский 2, Алей, Ача, Сигнал, Л-421, Колчан, В-1, Красноярский 91, Саша; сорт Bowman и линии, полученные на основе этого сорта (ALBAND, ALBAH, PLP, BPL); сорта Morex, Steptoe, Dom, Rec, а также сорт Golden Promise, выбранный в качестве контроля, как модельный сорт с высоким регенерационным потенциалом.

В эксперимент было взято по десять растений каждого сорта. Оценивалась способность сортов к каллусообразованию, регенерации и органогенезу *in vitro*. Незрелые зародыши изолировались и помещались на каллусообразующую среду без добавления антибиотиков [3]. Раз в неделю проводился подсчет количества эмбрионов, образовавших каллус. Через четыре недели образцы каллусов перемещались на вторую среду – для формирования очагов регенерации. Каждую неделю оценивалось количество каллусов с очагами регенерации (появление зеленых точек или корней). После 4 недель образцы перемещались на третью среду – для органогенеза. Через месяц культивирования на третьей среде оценивался процент эксплантов, сформировавших полноценные растения-регенеранты, по отношению к общему количеству эксплантов.

Было установлено, что эмбрионы всех исследуемых генотипов, способны к каллусообразованию, к формированию участков органогенеза и к дальнейшей регенерации. Однако скорость и эффективность регенерации существенно варьирует и, очевидно, является генотип-специфичной.

С целью выявления генетических факторов, ассоциированных с регенерационной способностью *in vitro*, использовались данные SNP-генотипирования сортов. На основе данных аннотации SNP-локусов были выбраны SNP в генах, связанных с развитием растений, и был проведен корреляционный анализ с помощью программы STATISTICA для выявления взаимосвязи аллелей генов раннего развития с данными по регенерационной способности.

[1]. Korotkova A.M., Gerasimova S.V., Shumny V.K., Khlestkina E. K., Crop genes modified using the CRISPR/Cas system // Russ. J. Genet. Appl. Res. 2017. Vol. 7, № 8.

[2]. Gerasimova S.V. Khlestkina E.K., Kochetov A.V., Shumny V.K., Genome editing system CRISPR/CAS9 and peculiarities of its application in monocots // Russ. J. Plant Physiol. 2017. Vol. 64, № 2.

[3]. Harwood W. A., Bartlett J. G., Alves S. C., Perry M., Smedley M. A., Leyland N., Snape J. W., Barley Transformation Using Agrobacterium-Mediated Techniques. // 2009, Methods Mol Biol. V.478, P.137-147.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА

Костылев П.И.*, Краснова Е.В., Аксенов А.В.

ФГБНУ «АНЦ «Донской», Россия, Зерноград, Научный городок, 3

* *p-kostylev@mail.ru*

В России с площади 200 тыс. га ежегодно собирают более 1 млн т зерна риса. В Ростовской области в АНЦ «Донской» созданы сорта риса: Боярин, Командор, Южанин, Кубояр, Акустик. Важным фактором повышения урожайности риса является создание новых, высокопродуктивных, устойчивых к стресс-факторам сортов.

В настоящее время генетика риса в мире хорошо изучена, найдены и локализованы гены, детерминирующие важнейшие признаки продуктивности, качества продукции и устойчивости. Международное сотрудничество позволило интродуцировать доноры генов устойчивости к пирикуляриозу (*Pi*), засолению почвы (*Saltol*), длительному затоплению водой (*Sub1A*). Эти гены локализованы в конкретных хромосомах, к ним подобраны ближайшие ДНК-маркеры, что дает возможность с помощью ПЦР-анализа выявлять их наличие в генотипах. Использование ДНК-маркеров позволяет ускорить оценку и проводить отбор без фенотипической оценки, независимо от внешних условий. В нашей лаборатории проводится многолетняя работа по переносу генов устойчивости в генотипы отечественных сортов риса, адаптированных к местным условиям и формирующими высокую урожайность. Доноры генов интереса позднеспелые, с легко осыпающимся зерном. Тем не менее, удалось получить гибридный материал, приближающийся по морфотипу к сортам реципиентам.

С участием образцов, несущих устойчивость к пирикуляриозу, которая контролируется генами *Pi-1*, *Pi-2*, *Pi-33*, *Pi-40*, *Pi-b*, *Pi-ta* и др. получены гибридные формы, гомозиготные по генам *Pi*. В результате были созданы устойчивые к пирикуляриозу сорта риса Магнат (*Pi-1*, *Pi-2*), Пирэт (*Pi-1*, *Pi-2*, *Pi-33*), Пентаген (*Pi-1*, *Pi-2*, *Pi-33*, *Pi-b*, *Pi-ta*).

При селекции на солеустойчивость анализировали гибриды от скрещивания азиатских образцов с российским сортом на наличие маркеров гена *Saltol*. В результате были получены гибриды с генами солеустойчивости: IR-52713-2B-8-2B-1-2 x Новатор, IR-74099-3R-3-3 x Новатор, NSIC Rc 106 x Новатор, из которых отобраны лучшие линии.

Ген *Sub1* способствует толерантности к погружению. Его можно использовать для создания сортов, устойчивых к большому слою воды. Из гибридов от скрещивания азиатских доноров: BR-11, CR-1009, TDK-1, Inbara-3 с раннеспелым краснодарским сортом Новатор с помощью маркерной селекции выделены гомозиготные линии, несущие этот ген и адаптированные к условиям северного рисоводства.

Т.о., использование методов и достижений современной генетики позволило перевести селекционную работу на более высокий уровень и повысить эффективность создания новых сортов риса.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ КОЛЛЕКЦИИ РИСА

Краснова Е.В.*[,] Костылев П.И., Аксенов А.В.

ФГБНУ «АНЦ «Донской», Россия, Зерноград, Научный городок, 3

* krasnovaelenab7@mail.ru

Рис – важная культура Земли. Сортовой состав лимитирует рост урожайности риса. Нужны высокоурожайные сорта, устойчивые к стрессорам среды, болезням и вредителям, с высоким качеством зерна, отвечающие требованиям интенсивного земледелия. Изучение потенциала исходного материала риса и вовлечение его в селекционный процесс является актуальным и имеет большое практическое значение. В условиях Ростовской области изучен полиморфизм более 1000 образцов риса из 25 стран мира из коллекции ВИР, IRRI, ВНИИ риса, АНЦД по высоте растений, вегетационному периоду, длине метелки, длине и ширине зерновки, числу колосков и зерен в метелке и их массе. Образцы варьировали от ранне- до позднеспелых (101-140 дней до созревания). Для селекционной работы отобраны образцы с вегетационным периодом 101-120 дней. Низкорослые растения с толстой соломиной и эректоидным расположением листьев и метелок способны выдерживать высокие дозы удобрений без полегания. В качестве доноров снижения высоты рекомендованы карликовые формы с длиной соломины 20-50 см и низкорослые (50-60 см). Карликовость определяется рецессивными генами группы *d*, которых известно более 50. Полукарликовость контролируется геном *sd*. Анализ взаимосвязей признаков показал, что метелки максимальной длины формируются у высокорослых позднеспелых растений, а самые короткие у поздних карликов. Длина метелок изученных коллекционных образцов варьировала от 8 до 24 см. На длину метелки влияет 8 генов: *P₁*, *D₁*, *P₂*, *P₄*, *Gl*, *P₃*, *Ka*, *P₅*. Количество колосков в метелке – один из главных элементов продуктивности риса – варьировало от 20 до 340. Ген *C* контролирует увеличение числа веточек и колосков в метелке. Анализ регрессионной зависимости числа колосков на метелке от продолжительности вегетационного периода показал, что она криволинейная. С увеличением вегетационного периода до 85 дней среднее число колосков на метелке растет, а после 90 дней – снижается. Выделены источники количественных признаков, увеличивающих продуктивность растений. Наибольшую ценность представляют образцы с количеством колосков на метелке 150-200: Амбарбу (Иран), Rever (США), IRAT 133 (Заир), Юпитер. Масса 1000 зерен образцов варьировала от 15 до 60 г. Выделены источники крупнозерности (ген *Lk-f*). Имеются также доноры генов устойчивости риса к засолению почвы (*Saltol*), затоплению водой (*Sub 1*), пирикуляриозу (*Pi*), бактериозу (*Xa*). На основе этого исследования проводится целенаправленное использование исходного материала для селекции высокоурожайных сортов риса.

ОПЫТ АГРОЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ПАСПОРТИЗАЦИИ СОРТОВ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ В НАЦИОНАЛЬНОМ ЦЕНТРЕ ЗЕРНА ИМЕНИ П.П.ЛУКЬЯНЕНКО

Кудряшов И.Н.* , Пономарев Д.А., Лысак Н.И., Беспалова Л.А.

ФГБНУ «НЦЗ им.П.П.Лукьяненко», Россия, г.Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба КНИИСХ

* ipasport@rambler.ru

В 90-е годы, в результате недостаточного финансирования, наблюдалось сокращение тематики научных исследований, которое затронуло и наше учреждение. Тем не менее в конце 1994 года в отделе селекции пшеницы в большом объеме были заложены опыты по агроэкологической оценке сортов. Вызвано это было увеличением возделываемых в производстве сортов, которые из-за слабой изученности биологических свойств неэффективно использовались. Отделом была изыскана возможность выделения 36 га земли для размещения восьмипольного севооборота, где пшеница высевалась по 4-м предшественникам. Основной целью новых для нашего отдела исследований, была агроэкологическая оценка сортов с целью их дальнейшего макро-, мезо- и микrorайонирования, как одного из факторов адаптивной интенсификации растениеводства, изложенной А.А.Жученко [1].

При планировании полевых опытов, были выбраны факторы, оказывавшие наибольшее влияние на важнейшие хозяйствственно-ценные признаки: предшественники, сроки сева, азотные подкормки, фунгициды, нормы высева и др. В настоящее время ежегодно в многофакторных полевых опытах высевается 24 сорта озимой пшеницы на 38 агропартиях. Всего же за истекшие 24 года изучалось 132 сорта озимой мягкой пшеницы в 21486 сортоопытах на 85944 делянках.

Проводимые нами опыты позволили не только повысить эффективность возделывания сортов пшеницы, но и дают ценную информацию для селекции. Большой набор сортов и агроусловий, позволяет достоверно оценивать генотип-средовые взаимодействия, расчитывать наряду с фенотипическими, экологические и генотипические взаимосвязи признаков. Ежегодное включение в опыты сорта шедевра Безостая 1, районированного в далеком 1959 году, показывает прогресс селекции практически за 60-летний период.

Актуальность и своевременность этой работы подтверждается увеличением количества возделываемых в производстве сортов. Если в 1995 году (закладка первых опытов по паспортизации сортов) в Реестре РФ по Краснодарскому краю было включено 13 сортов пшеницы мягкой озимой селекции нашего института, то в настоящее время их количество возросло до 80. Адресное, точное использование сортов озимой пшеницы без дополнительных затрат, может повысить ее урожайность на 10 и более центнеров с 1 га. Если в 1995 году урожайность озимой пшеницы в Краснодарском крае составила 32,0 ц/га, то в 2018 она выросла вдвое. Одним из важных факторов этого роста явилось точное использование сортов.

Литература

1. Жученко А.А., Ресурсный потенциал производства зерна / А.А.Жученко. – М.: ООО «Издательство Агрорус», 2004.- 1109 с.

МАРКЕР-КОНТРОЛИРУЕМОЕ ПОЛУЧЕНИЕ ФОРМ ЯЧМЕНЯ С АНТОЦИАНОВОЙ ОКРАСКОЙ ЗЕРНА

Кукоева Т.В.^{1,*}, Генералова Г.В.¹, Стрыгина К.В.¹, Григорьев Ю.Н.¹, Яковлев М.А.²,
Глаголева А.Ю.¹, Хлесткина Е.К.^{1,3}

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ, Россия, Новосибирск, ул. Добролюбова, 160; ³Федеральный
исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И.

Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

** kukoeva@bionet.nsc.ru*

Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) является важной сельскохозяйственной культурой. В структуре мирового производства зерна он занимает четвёртое место после кукурузы, пшеницы и риса. Зерно ячменя содержит много клетчатки и мало крахмала, что делает данную культуру диетическим продуктом питания. Для повышения пищевой ценности зерновых культур в мире существует устойчивая тенденция насыщения зерна биологически активными соединениями антоцианами [1]. У ячменя данные соединения могут накапливаться в перикарпе (где их биосинтез контролируется комплементарно взаимодействующими генами *Ant1* и *Ant2*), в алейроновом слое (*HvMyc2*), либо в двух тканях одновременно, придавая зерну красно-фиолетовую, голубую и тёмно-фиолетовую окраски, соответственно [2]. Однако к настоящему моменту на территории нашей страны не созданы и не возделываются сорта ячменя с окрашенным зерном. Целью данной работы являлось маркер-контролируемое получение селекционного материала ячменя, накапливающего антоцианы в алейроновом слое и перикарпе зерновки, на основе районированных сибирских сортов. В качестве материнских форм были выбраны сорта Ворсинский 2, Алей и Танай, а в качестве отцовских форм – почти-изогенные линии сорта Bowman ‘Intence blue aleurone’ и ‘Purple lemma and pericarp’ из Nordic Gene Bank (NGB, www.nordgen.org), являющиеся донорами гена *HvMyc2* и генов *Ant1/Ant2*, соответственно. На основе гибридов F₁ были получены растения F₂, среди которых с помощью диагностических ПЦР- и CAPS-маркеров к генам *HvMyc2* и *Ant1/Ant2* были отобраны гомозиготные растения с голубой и фиолетовой окраской зерновки, соответственно. Данные растения были высажены в поле, было проведено их бэккроссирование на исходные сорта. В течение года было получено 350 растений BC₁F₂ (бэккросс первого поколения), которые будут подвергнуты дальнейшему 5-6 кратному возвратному скрещиванию и маркер-контролируемому отбору гомозиготных растений.

[1]. Zhu F., Anthocyanins in cereals: composition and health effects. // 2018, Food Res. International. V.109, P.232–249.

[2]. Шоева О.Ю., Стрыгина К.А., Хлесткина Е.К., Гены, контролирующие синтез флавоноидных и меланиновых пигментов ячменя // 2018, Вавиловский журнал генетики и селекции. Т.22(№3), С.333-342.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ № 18-416-543007.

СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА ПОЛИФЕНОЛОКСИДАЗ ЯЧМЕНИ (*Hordeum vulgare L.*) В КОНТЕКСТЕ ФОРМИРОВНИЯ ПРИЗНАКА ЧЕРНОЙ ПИГМЕНТАЦИИ КОЛОСА

Леванова Н.М.^{1,2,*}, Глаголева А.Ю.¹, Кукоева Т.В.¹, Хлесткина Е.К.^{1,3}, Шоева О.Ю.¹

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск,

Россия, ул. Пирогова, 1; ³Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт

генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая
Морская, 42-44

** n.levanova@g.nsu.ru*

Полифенолоксидаза (PPO) является ферментом класса оксидоредуктаз, который играет важную роль в ответе растений на биотический стресс. Защитные функции PPO проявляются при поранении тканей, когда происходит контакт фермента, локализующегося в хлоропластах, с фенольными соединениями, присутствующими в цитоплазме. В результате катализируемой PPO реакции ферментативного потемнения фенольные соединения окисляются до высокореактивных хинонов с последующей их полимеризацией и образованием черно-коричневых пигментов, известных как меланины. Образуемые в ходе реакции хиноны и активные формы кислорода являются токсичными для патогенов, а также запускают каскад защитных реакций. В последнее время появились данные об активности PPO в неповрежденных тканях, где их точные функции остаются неизвестными. В частности, не установлена роль данного фермента в формировании темноокрашенных пигментов в интактных тканях семян, описанных у ряда растений, в том числе у ячменя, у которого синтез черных пигментов в колосе контролируется моногенно локусом *Blp*, картированным на длинном плече хромосомы 1Н. Целью данного исследования является структурно-функциональная характеристика генов семейства полифенолоксидаз ячменя и установление их роли в формировании признака черной окраски колоса. В качестве генетической модели нами были выбраны почти-изогенные линии ячменя: линия ‘Black lemma and pericarp’, характеризующаяся наличием черного пигmenta в цветковых чешуйках и перикарпе зерна, и неокрашенный родительский сорт Bowman.

На основе известных последовательностей *Ppo* ячменя, картированных на хромосоме 2Н (*Ppo1*, *Ppo2*) [1], мы идентифицировали еще две копии *Ppo3* и *Ppo4*, локализованные на хромосомах 3Н и 4Н, соответственно. Было установлено, что все копии содержат консервативный тирозиназный домен, но при этом имеют различную экзон-инtronную структуру, а также различную структуру промоторов. Для анализа экспрессии копий генов *Ppo* была выделена РНК как из неокрашенных тканей ячменя (колеоптиле, корни, лист, стебель), так и из окрашенных цветковых чешуй и перикарпа зерна на разных стадиях развития колоса, а также разработаны специфичные праймеры для каждой из копий. Было показано, что копии *Ppo1*, *Ppo2*, *Ppo3* имеют различные паттерны экспрессии, при этом экспрессия копии *Ppo2* увеличивается в черноокрашенной линии по мере появления пигmenta. Копия *Ppo4* не является транскрипционно активной ни в одной из тканей как у окрашенной, так и у неокрашенной линии. Вероятно, данная копия подверглась псевдогенизации.

Таким образом, впервые была показана специфическая активация транскрипции гена *Ppo2* при формировании черной пигментации колоса ячменя.

[1]. Taketa S. et al., Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of spikes and grains. // 2010, J. Exp. Botany, V.61, P.3983–3993. doi:10.1093/jxb/erq211.

Благодарности: Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 16-14-00086.

ПОИСК НОВЫХ ИСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЛИСТОСТЕБЕЛЬНЫМ ИНФЕКЦИЯМ В КОЛЛЕКЦИИ ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (*T. AESTIVUM L.*) С ГЕНЕТИЧЕСКИМ МАТЕРИАЛОМ ТРИБЫ *TRITICEAE*

Леонова И.Н.^{1,*}, Орлова Е.А.¹, Сколотнева Е.С.¹, Орловская О.А.²

¹Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия,
Новосибирск, проспект академика Лаврентьева, 10, 630090; ²ГНУ Институт генетики и
цитологии НАН Беларусь, Республика Беларусь, Минск, ул. Академическая, 27, 220072

** leonova@bionet.nsc.ru*

Расширение генетического разнообразия мягкой пшеницы (*Triticum aestivum L.*) по генам устойчивости к заболеваниям и создание новых адаптивных сортов является одной из актуальных проблем селекции. Значительный вредоносный эффект на данную культуру оказывают грибные патогены, которые при благоприятных условиях могут вызывать потери урожая пшеницы до 50%. Целью данной работы является поиск генетических локусов, детерминирующих устойчивость мягкой пшеницы к листостебельным пятнистостям: септориозу (возбудитель *Stagonospora nodorum* Berc.) и пиренофорозу (*Pyrenophora tritici-repentis*). В работе была использована коллекция линий, содержащих генетический материал, перенесенный в геном мягкой пшеницы от родственных видов *T. durum*, *T. dicoccum*, *T. dicoccoides*, *T. timopheevii* и *T. kiharae*. Коллекция была оценена по восприимчивости к патогенам в условиях естественного инфекционного фона западносибирского региона России и Республики Беларусь. Погодные условия 2018 года в обоих регионах не способствовали максимальному проявлению заболеваний. Поражение септориозом восприимчивых сортов-стандартов составило 30%, поражение желтой пятнистостью было от умеренного до слабого. Отмечены значительные различия по восприимчивости линий к полевым популяциям патогенов, специфичных для Республики Беларусь и Западной Сибири. Среднеустойчивый уровень поражения к септориозу в условиях западносибирского региона был отмечен для 22 образцов, что составило 45% от изученных. Тогда как в условиях Республики Беларусь, высокая восприимчивость к *Stagonospora nodorum* была характерна только для 7 линий из 49. Степень поражения линий к пиренофорозу существенно зависела от комбинаций скрещивания: большинство линий, полученные с участием *T. timopheevii* и *T. kiharae*, имели низкую степень поражения (5% по шкале иммунности) по сравнению с линиями, полученными на основе *T. durum* и *T. dicoccum* (40%). Проведен поиск ассоциаций маркер-признак для устойчивости к септориозу и пиренофорозу на основании результатов генотипирования маркерами SNP (Illumina Infinium 20K array). Локусы, с высокой вероятностью ассоциированные с устойчивостью к пиренофорозу, были выявлены в хромосомах 1A, 2A, 2B, 6A и 7A. Для устойчивости к септориозу было выявлено 5 локусов в хромосомах 2B, 4B, 6A, 6B и 7A, при этом локусы в хромосомах 6A и 7A специфичны для популяции септориоза западносибирского региона России.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке РФФИ (проект №18-516-00001) и БРФФИ (проект №Б18-Р-028)

ФОРМИРОВАНИЕ ГЕНОМОВ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ГИБРИДОВ $1Rv(1A) \times R$ F₅ ПОКОЛЕНИЯ

Логинова Д.Б.¹, Иванова Ю.Н.^{1,*}, Соловей Л.М.², Бондаревич Е.Б.², Сычева Е.А.², Дубовец Н.И.²,
Силкова О.Г.¹

¹ФГБНУ ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Российская Федерация, 630090, г. Новосибирск, пр. Лаврентьева 10; ²ГНУ ИГЦ НАН Беларусь, Республика Беларусь, 220072, Минск, ул. Академическая, 27.

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

Процесс реорганизации пшенично-ржаных гибридных геномов сопровождается элиминацией геномов, хромосом, а также структурными изменениями хромосом ржи и пшеницы. Основная масса работ по изучению реорганизации геномов выполнена у амфидиплоидов, полученных с помощью колхицинирования. В данной работе проведен анализ кариотипов и поведения хромосом в мейозе трех потомств F₅ поколения пшенично-ржаных гибридов, полученных в результате мейотической реституции при скрещивании замещенной линии 1Rv(1A) с рожью.

Анализ кариотипов потомств №1 и №2 выявил элиминацию от 10 до 12 хромосом ржи в ранних поколениях: в кариотипе гибрида F₂ 1Rv(1A) × R обнаружено 46 хромосом, из них три пары хромосом ржи 1R1R4R4R2RL2RL, 1R1R замещали хромосомы 1A1A, а 2RL2RL и 4R4R были дополненными к комплекту хромосом пшеницы. Половина растений F₅ имеет 44 хромосомы, где хромосома 4R является дополненной, а 1R замещает хромосому пшеницы 1A. Четверть растений имеет 42 хромосомы, в кариотипах которых хромосома 4R замещает хромосомы 4A и 4B. Получены растения с замещением 1R/1A (2n=42), предположительно хромосома 1R является результатом рекомбинации хромосом ржи замещенной линии сорта Вятка и сорта Онохойская, использованной в скрещивании. Центрические пшенично-ржаные транслокации с гибридной центромерой и хромосомы ржи с амплификацией субтеломерного гетерохроматина с высокой частотой встречались в потомстве №2. В потомстве №3 растения имели близкое к октопloidному число хромосом (от 52 до 56), из них у 76.19% растений обнаружены 16 хромосом ржи.

У гибридов F₅ первых двух групп в мейозе формировались униваленты и микроядра. У растений F₅ группы №3 выявлено нормальное поведение хромосом в M_I и A_I, однако у ряда растений второе деление мейоза отсутствовало, в результате чего в конце деления формировались диады. Процент диад варьировал от 21.9 до 100%. Сопоставление результатов, полученных по мейозу у отдельных растений с их фертильностью, показало, что стерильность и низкая завязываемость зерен характерны для растений с высокой частотой формирования диад.

Таким образом, несмотря на одинаковые мейотические механизмы восстановления фертильности у пшенично-ржаных гибридов F₁, характер реорганизации хромосомного состава у гибридов последующих поколений не идентичен. Формирование нередуцированных гамет в F₅ поколении приводит к стерильности растений.

Работа выполнена при финансовой поддержке грантов РНФ №16-16-0011 и БРФФИ №Б15СО-030

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ В СЕМЕНОВОДСТВЕ

Мельникова Е.Е., Беспалова Л.А., Букреева Г.И., Новиков А.В., Агаев Р.А.*^{*}, Кузилова Н.М.

ФГБНУ «НЦЗ им. П.П. Лукьяненко», Россия, г. Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба
КНИИСХ

* lena.agaea.69@bk.ru

В НЦЗ им. П.П. Лукьяненко в качестве генетических маркеров для определения сортовой принадлежности и чистоты семян пшеницы мягкой, твёрдой, шарозёрной и тритикале, эффективно используются белковые маркеры (аллели глиадинкодирующих локусов, выявленные в результате электрофореза запасных белков). Предпочтение данных маркеров обусловлено их кодоминантным наследованием, множественным аллелизмом и независимостью от условий выращивания.

В Государственный реестр внесено 87 сортов мягкой и шарозёрной пшеницы, 13 сортов твёрдой пшеницы, 17 сортов тритикале и 2 сорта полбы. Семеноводство такого количества сортов и культур требует постоянного, строгого контроля подлинности и сортовой чистоты семян.

На стадии аprobации посевов селекционеры выявляют фенотипически отличающиеся растения и передают их в лабораторию для идентификации. Все партии семян, поступающие на сортировку анализируются на принадлежность и сортовую чистоту, чтобы исключить возможное засорение на стадиях уборки, транспортировки, сортировки, хранения и т.д. Если партии семян не соответствуют нормам, они бракуются. В 2018 году проанализировано 201 партия семян пшеницы и тритикале.

Перед передачей сортов на ГСИ изучается их биотипный состав. Около 23% районированных краснодарских сортов пшеницы являются полиморфными, т. е. имеют не один, а несколько биотипов. Изучение биотипного состава сортов, позволяет при дальнейшем семеноводстве, отличить биотип от засорения. Наличие нескольких биотипов учитывается при идентификации сорта. Считается, что полиморфные сорта более пластичны, за счёт того, что различные биотипы по-разному могут реагировать на условия выращивания (сорта Таня, Гром и т.д.).

[1]. Неттевич, Э.Д. Характеристика отечественных сортов пшеницы по высокомолекулярным глютенинам зерна / Э.Д. Неттевич, А.И. Моргунов, Д.У. Роджерс, А.М. Беспалов, Е.В. Метаковский // Докл. ВАСХНИЛ. 1991. - № 7. - С. 2 - 5.

АЛЛЕЛЬНОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ГЛИАДИНКОДИРУЮЩИХ ЛОКУСОВ ХРОМОСОМ ПЕРВОЙ ГОМЕОЛОГИЧЕСКОЙ ГРУППЫ В СЕЛЕКЦИОННОМ МАТЕРИАЛЕ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НЦЗ ИМ. П.П. ЛУКЬЯНЕНКО

Мельникова Е.Е.*[,] Букреева Г.И., Беспалова Л.А., Жук О.А.

ФГБНУ «НЦЗ им.П.П.Лукьяненко» Россия, Краснодар Центральная усадьба КНИИСХ.

* *Mellen19@yandex.ru*

Определение генетического разнообразия селекционного материала пшеницы по аллелям глиадинкодирующих локусов проводится ежегодно в лаборатории электрофоретического анализа. В 2003-2018 годы по аллельному составу глиадинкодирующих локусов с использованием метода электрофореза в крахмальном геле изучались от 853 до 1637 линий пшеницы в год.

Высокий полиморфизм аллелей глиадинкодирующих локусов отмечен по хромосоме 1A, с наибольшей частотой встречаемости по годам аллеля Gld-1A4 (34,5% - 48,8%).

Широкому внедрению этого аллеля способствовала научная селекция через сорта Безостая 1, Краснодарская 6, Ранняя12, Кавказ с вытеснением аллеля Gld-1A2 из генотипов, доминирующего в стародавних сортах. Частота встречаемости аллелей Gld-1A12 и Gld-1A14, связанных с высоким качеством зерна, невысокая для аллеля Gld-1A12 в 2017 г составляла 2,6% (сорта Память, Грация, Лебедь). Количество генотипов с аллелем Gld-1A14 в 2017 г увеличилось до 6,8% против 5,2% в 2011-2015 гг. (Сорта Лига 1, Веда).

С 2011г в селекционном материале увеличилось количество линий с ржаной транслокацией 1Al/1Rs с 0,6% 2003-2010 гг до 5,7% (2011-2016г.). Данный аллель идентифицирован в 54 линиях селекционного материала. Созданы сорта с транслокацией 1Al/1Rs Ахмат и Стиль 18.

Для селекционного материала озимой пшеницы нашего центра характерна высокая частота встречаемости другой ржаной транслокации 1BL/1Rs, маркируемая аллелем Gld-1B3, с частотой встречаемости до 40% в 2003-2011гг. и 50% в 2017г. Эта транслокация вытеснила аллель Gld-1B1, идентифицированный в сорте Безостая 1, который преобладал в селекционном материале в 2003-2010 гг. до 51%, а к 2017 г. снизился до 31%. Отрицательное влияние данной транслокации на качество снижается в присутствие аллелей Gld-1A4, Gld-1A14 и Gld-1D4.

Аллель Gld-1B2 (сорта Победа 50, Гром, Сила) также снижает частоту встречаемости с 14,7% (2011г) до 8,6%(2014 г), 5,6% (2015г), 9,1%.(2017г).

Аллель Gld-1D1 выявлен почти в 50 % (49,7 %) селекционных линий, проанализированных в 2011-2018 гг. Аллель Gld-1D4, связанный с высоким качеством зерна и нивелирующий отрицательное влияние ржаной транслокации 1Bl/1Rs на качество, за годы исследований сохранял невысокую частоту встречаемости в среднем 15 % (Сорта Иришка, Грация, Лебедь, Память, Баграт и т.д.). Аллель Gld-1D5, связанный с высокой морозостойкостью на протяжении изучаемых лет имел стабильно низкую частоту встречаемости, в среднем 6%.

МАРКЕР-ВСПОМОГАТЕЛЬНОЕ ПОЛУЧЕНИЕ СКОРОСПЕЛЬНЫХ ГИБРИДОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM L.*)

Мирская Г.В.^{1,*}, Рушина Н.А.¹, Фатеев Д.А.², Чесноков Ю.В.¹

¹ФГБНУ Агрофизический научно-исследовательский институт (АФИ), Россия, г.Санкт-Петербург, 195220 Гражданский пр. д. 14; ² Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, 190000 ул. Б. Морская, д. 44

* galinanm@gmail.com

В большинстве районов России селекция, помимо высокой адаптивности, пластичности и качества, должна учитывать создание более скороспелых сортов, отражающих экологогеографические особенности окружающей среды. Известно, что гены *Ppd*, отвечающие за чувствительность растений пшеницы к длине дня (фотопериоду), оказывают существенное влияние на скорость их развития. Как правило, сорта, обладающие слабой фотопериодической чувствительностью (ФПЧ), являются скороспелыми. Анализ сортов мягких пшениц, возделываемых на территории РФ в различных регионах [1], показал, что лишь немногие яровые сорта несут нечувствительные к фотопериоду аллели генов *Ppd*, в частности гена *Ppd-D1*, вклад которого в сокращение сроков колошения был показан ранее [2]. Для идентификации генотипов с доминантными или рецессивными аллелями гена *Ppd-D1* разработаны аллель-специфичные праймеры [3], и показана их эффективность для ранней диагностики реакции растений на фотопериод. Следует отметить, что информации о практическом использовании маркеров в селекции пшеницы в РФ крайне мало. В связи с этим, целью нашей работы является создание и оценка скороспелых гибридов яровой мягкой пшеницы со слабой ФПЧ при помощи аллель-специфичных праймеров гена *Ppd-D1*. В результате проведенного молекулярно-генетического анализа 17 генотипов линий картирующей популяции ITMI, а также линий и сортов яровой мягкой пшеницы доминантная аллель *Ppd-D1a* обнаружена у 9 образцов. Сопоставление данных фенотипической оценки более чем по 30 хозяйственно-ценным признакам и молекулярного маркирования позволило определить родительские линии пшеницы для дальнейшего скрещивания (ITMI 7 x AFI 177). Анализ гена *Ppd-D1* с использованием аллель-специфичных праймеров показал наличие доминантной аллели *Ppd-D1a* у 28 из 105 проанализированных гибридов F₂, что делает их слабочувствительными к фотопериоду; все остальные проанализированные гибриды, характеризуются наличием рецессивной аллели *Ppd-D1* и являются чувствительными к длине светового дня. С помощью аллель-специфичного маркера для гена *Ppd-D1* нами был определён генотип каждого индивидуального растения F₂ и потомства от 10 отдельных растений (семьи) F₃. Выделены скороспелые гибridы яровой мягкой пшеницы, характеризующиеся наличием доминантной аллели *Ppd-D1* с различным сочетанием и степенью проявления признаков продуктивности.

[1]. Лысенко Н.С., Киселева А.А., Митрофанова О.П., Потокина Е.К. Каталог районированных сортов мягкой пшеницы из коллекции ВИР с идентифицированными аллелями *Vrn* и *Ppd* генов. СПб.:ВИР Россельхозакадемии, 2014. 29 с.

[2]. Beales J., Turner A., Griffiths S. et al. A pseudo-response regulator is misexpressed in the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* mutant of wheat (*Triticum aestivum* L.) // Theor. Appl. Genet. 2007. V. 115. No 5. P. 721–733.

[3]. Yang F.P., Zhang X.K., Xia X.C., Laurie D.A., Yang W.X., He Z.H. Distribution of the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* allele in Chinese wheat cultivars // Euphytica. 2009. V. 165. P. 445-483.

ПРЕДСЕЛЕКЦИОННОЕ ИЗУЧЕНИЕ КОЛЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ ВИР: РОЛЬ В СОВРЕМЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ

Митрофанова О.П.*[,] Хакимова А.Г., Пюккенен В.П., Лысенко Н.С., Дементьев А.В.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), Россия, Санкт-Петербург, Большая Морская 42 и 44.

* o.mitrofanova@vir.nw.ru

Успехи в селекции пшеницы – одной из самых важных продовольственных культур в мире, зависят от наличия исходного материала, необходимого для улучшения ее характеристик и свойств. Основным поставщиком исходного материала для отечественной селекции служит коллекция генетических ресурсов пшеницы ВИР, насчитывающая около 40 тысяч образцов, представляющих 26 видов рода *Triticum* L. Основные усилия по работе с коллекцией направлены на пополнение представленного в ней ботанического и генетического разнообразия, оценку образцов на адаптивность к различным эколого-географическим условиям выращивания, сохранение жизнеспособности и подлинности образцов, создание электронного паспорта коллекции. Однако по мере расширения и усложнения задач селекции существенно возросла роль предселекционного изучения коллекции (pre-breeding): пополнился не только список признаков, по которым необходимо проводить оценку, но изменились требования к полноте изученности и генетическому разнообразию коллекционного материала.

В настоящее время для расширения генетической базы селекционных программ и повышения эффективности использования коллекции пшеницы ВИР в ее составе формируют специальные целевые (иначе признаковые, или стержневые) субколлекции, в которых максимально собирают известное и привлекают новое фенотипическое и генетическое разнообразие по отдельным и комплексам наиболее важных для селекции признаков. Путем скрещивания современных отечественных сортов с образцами, содержащими чужеродный генетический материал, создаются новые перспективные линии. С использованием ДНК-маркеров у образцов целевых субколлекций проверяют наличие известных и выявляют новые аллели генов различных признаков. В проведении такого рода исследований принимают участие также сотрудники других научно-исследовательских и образовательных учреждений России.

В докладе результаты исследований по формированию целевых коллекций будут рассмотрены на примере изучения озимой и факультативной мягкой пшеницы по признакам: тип и скорость развития растения, зимостойкость, устойчивость к вредоносным болезням, хорошая скрещиваемость мягкой пшеницы с чужеродными видами, элементы продуктивности колоса.

Образцы целевых субколлекций вместе с описанием методик выявления аллелей генов с помощью молекулярных маркеров будут передаваться в различные селекционные и образовательные учреждения России для обогащения рабочих коллекций этих учреждений и ускорения внедрения в селекционные программы маркер контролируемого отбора.

СЕЛЕКЦИЯ ЯРОВОГО И ОЗИМОГО ТИПА РАЗВИТИЯ *TRITICUM DICOCCEUM (SCHRANKE) SCHUEBL*

Мудрова А.А.* , Яновский А.С., Беспалова Л.А.

*ФГБНУ «НЦЗ им.П.П.Лукьяненко», Россия, г.Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба
КНИИСХ*

** mudrova.alya@mail.ru*

По данным Всемирной организации здравоохранения, XXI век станет веком аллергии. Эта болезнь уже достигла планетарного масштаба и может в скором времени «поставить на колени» весь мир [1]. Помогут справиться с аллергией древние злаковые культуры с богатым генетическим потенциалом, имеющие в своем составе уникальные ценные белковые компоненты и микроэлементы. Одной из них является полба, возделывание которой в первую очередь будет направлено на повышение качества жизни нашего населения, соответствия этого показателя высоким мировым стандартам [2].

Для создания нового исходного материала нами выполнены межвидовые скрещивания *Triticum dicoccum* с *Triticum durum*. В гибридизацию были вовлечены лучшие линии и сорта яровой и озимой твердой пшеницы, яровой полбы. Для ускорения селекционного процесса гибриды F₁, и F₂ выращивали в теплице. После обмолота и визуальной оценки зерна в F₃ выделены пленчатые формы. Одна часть высевалась весной, другая - под зиму. В результате выявлена различная степень проявления хозяйственных признаков. Линии яровой полбы колосились 21 - 30 мая, имели высоту растений 56-88 см, урожайность 18,6-39,6 ц с 1 га. Параметры исходного сорта Руно соответственно 30 мая, 92 см, 21,5 ц с 1 га. В озимом посеве озимая полба колосилась 3-14 мая, высота растений варьировала от 70 до 90 см, урожайность 60,2-88,4 ц с 1 га. Параметры исходного сорта озимой твердой пшеницы Крупинка соответственно 10 мая, 90 см, 108,8 ц с 1 га. Из гибридной комбинации Лилек/к-13085 *Triticum dicoccum* выделена линия, которая в 2016 году под названием Янтара передана на Государственное сортоиспытание. Это пленчатая полба с желтым цветом зерна, более легким обмолотом, устойчивая к полеганию, высоким качеством зерна. В 2018 году в селекционных питомниках изучалось 340 семей яровой полбы и 129 озимой. Они характеризовались различным цветом зерна, пленчатостью от 80 до 95%, содержанием протеина свыше 20,0%. В 2019 году в конкурсном сортоиспытании посажены линии озимой и яровой полбы. В гибридных популяциях продолжается отбор пленчатых форм, которые высеваются в соответствующих питомниках. Созданный селекционный материал превосходит сорт яровой полбы Руно по устойчивости к полеганию, продуктивности, имеет высокие показатели качества зерна, а по озимой полбе по урожайности близок к сортам озимой твердой пшеницы, превосходя их по качеству зерна.

Литературные источники

- [1]. Темирбекова С.К., Ионов Э.Ф., Ионова Н.Э., Афанасьева Ю.В. Использование древних видов пшеницы для укрепления иммунной системы детского организма/С.К. Темирбекова и др./Образование, наука и производство -№4 (9).-2014. С.21-25.
- [2]. Боровик А.Н. Селекция и возвращение в культуру исчезающих и редких видов пшеницы: шарозерной, полбы, твердой и создание тритикале шарозерной для диверсификации производства высококачественного зерна / А.Н. Боровик: автор. дис. д. с.-х.наук.-Краснодар.- 2016.- С. 358-375.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ СТРУКТУРА ВЫСОКОМОЛЕКУЛЯРНЫХ СУБЪЕДИНИЦ ГЛЮТЕНИНА *T. DICOCCOIDES*

Орловская О.А.*¹, Яцевич К.К., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Беларусь, Минск, ул. Академическая, 27

* *O.Orlovskaia@igc.by*

Генетическое разнообразие вариантов запасных белков у сородичей *T. aestivum* L. несравненно богаче, чем у существующих сортов, в связи с чем, виды рода *Triticum* привлекаются для улучшения пшеницы по хлебопекарным свойствам зерна. Нами проведена идентификация состава высокомолекулярных субъединиц глютенина (HMW-GS) у образца *T. dicoccoides* K5199 (AABB, 2n=28) из коллекции ВИРа и изучена их молекулярная структура.

Анализ спектров SDS-электрофореза показал, что исследованный нами образец *T. dicoccoides* K5199 имел 4 HMW-GS, из которых только субъединица Bx7 встречается у сортов мягкой пшеницы. Остальные субъединицы отличались по подвижности от характерных для *T. aestivum* субъединиц глютенина. В результате проведения секвенирования нами определены нуклеотидные последовательности генов *1AxTd* и *1ByTd* образца *T. dicoccoides* K5199, которые зарегистрированы в базе данных GenBank (коды доступа MH475136 - *1AxTd*, MG897125 - *1ByTd*). Длина кодирующей последовательности *1AxTd* составила 2490 п.н., а наибольшая идентичность нуклеотидной последовательности данного гена выявлена с последовательностью гена *1Ax1* *T. aestivum* (99,7%). Различия между ними составили 7 SNPs. При сравнении кодирующей последовательности гена *1ByTd* (2154 п.н.) с наиболее сходной последовательностью гена *1By15** *T. dicoccoides* (98,5%) выявлены 32 SNPs.

Полученные ДНК-последовательности транслированы в гипотетические последовательности аминокислот, которые имели типичную структуру HMW-GS x- и y-типа соответственно: сигнальный пептид состоял из 21 аминокислотного остатка (а.о.); N – концевой домен (86 и 104 а.о.); центральный домен (681 и 550 а.о.); C - концевой домен (42 а.о.). Предсказанная вторичная структура субъединиц *1AxTd* и *1ByTd* образца *T. dicoccoides* K5199 существенно не отличалась от структуры *1Ax* и *1By* HMW-GS, вклад в хлебопекарное качество которых оценивается высоко. В частности распределение структурных мотивов (α -helix, β -sheet, β -turns) в концевых доменах было идентичным для всех изученных субъединиц. Можно отметить незначительные различия по количеству α -helix в повторяющемся домене у проанализированных HMW-GS.

Сравнение аминокислотной последовательности и вторичной структуры белка субъединиц *1AxTd* и *1ByTd* с известными субъединицами *1Ax* и *1By*, оказывающими положительный эффект на эластичные свойства клейковины пшеницы, не показало существенных различий между ними. Это позволяет предположить, что выявленные HMW-GS *T. dicoccoides* K5199 также будут определять высокие хлебопекарные качества.

ЗАМЕЩЕНИЕ ЦИТОПЛАЗМЫ – СТРАТЕГИЯ К УВЕЛИЧЕНИЮ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Першина Л.А.^{1,*}, Трубачеева Н.В.¹, Осадчая Т.С.¹, Белова Л.И.¹, Кравцова Л.А.¹,
Белан И.А.², Россеева Л.П.²

¹*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук", Россия, Новосибирск, 630090, пр-т Академика Лаврентьева 10;* ²*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Омский аграрный научный центр", Россия, Омск, 644012, пр-т Королева, 26*

* *pershina@bionet.nsc.ru*

Важной задачей генетики и селекции является увеличение генетического разнообразия возделываемых видов пшеницы. Пшеница относится к сложным генетическим объектам, в работе с которыми применение методов, направленных на прямую модификацию геномов, ограничено. В наших исследованиях разрабатываются подходы, ориентированные на создание генотипов мягкой пшеницы с новыми межгеномными взаимодействиями за счет замещения цитоплазмы на чужеродную и получение на основе таких генотипов гомозиготных линий с фиксированным сочетанием комплекса генов разного происхождения, ответственных за устойчивость к грибным патогенам. Разработан и используется комплекс методов, направленных на восстановление fertильности и преодоление ядерно-цитоплазматического конфликта при скрещиваниях между отдельными видами ячменя и мягкой пшеницей, а также при последующей реконструкции ядерных геномов в результате интеграции чужеродного генетического материала в ядерный геном аллоплазматических линий (*H. vulgare*)-*T. aestivum* и (*H. marinum* ssp. *gussoneanum*)-*T. aestivum*. На основе культивирования пыльников оптимизированы методы получения аллоплазматических интрагрессивных гаплоидных линий с удвоенным числом хромосом (ДГ-линий). Выявлены механизмы ядерно-цитоплазматической коадаптации при формировании аллоплазматических линий (*Hordeum*)-*T. aestivum* в зависимости от видовой принадлежности ячменя. Разработаны протоколы лабораторного и полевого предселекционного тестирования, включающего отбор цитогенетически стабильных гексаплоидных генотипов; проведение молекулярного анализа для подтверждения наличия целевых генов; проверку ДГ-линий на устойчивость к биотическим стрессам в разных экологических условиях. Аллоплазматические ДГ-линии, полученные с привлечением разнообразия гибридных генотипов, используются в селекционном процессе для получения новых сортов яровой мягкой пшеницы [1, 2]. Обсуждаются как возможности, так и ограничения широкого использования разрабатываемого подхода для создания новых генотипов мягкой пшеницы и ускорения селекционного процесса.

[1]. Белан И.А., Россеева Л.П., Мешкова Л.В., Блохина Н.П., Першина Л.А., Трубачеева Н.В. Создание сортов мягкой пшеницы, устойчивых к грибным заболеваниям для условий Западной Сибири и Урала. // 2017, Вестник Алтайского государственного аграрного университета, № 1 (147), С.5-7.

[2]. Першина Л.А., Белова Л.И., Трубачеева Н.В., Осадчая Т.С., Шумный В.К., Белан И.А., Россеева Л.П., Немченко В.В., Абакумов С.Н. Аллоплазматические рекомбинантные линии (*H.*

vulgare)-*T. aestivum* с транслокацией 1RS.1BL: исходные генотипы для создания сортов яровой мягкой пшеницы. // 2018, Вавиловский журнал генетики и селекции, Т. 22, С.544-552.

Данная работа была выполнена при поддержке РФФИ (17-04-01738)

СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ ТРИТИКАЛЕ В СРЕДНЕМ ПОВОЛЖЬЕ

Пономарев С.Н.*, Пономарева М.Л., Маннапова Г.С.,
Гильмуллина Л.Ф., Фомин С.И., Илалова Л.В.

ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН, Россия, 420059, Казань, ул. Оренбургский пр., д. 48

* smpronotarev@yandex.ru

Современный генофонд тритикале представлен тетра-, гекса- и октоплоидными формами. Для создания сортов с широкими адаптивными свойствами необходимо изучение мирового генофонда тритикале, применение межвидовых скрещиваний для расширения генетической базы исходного материала, выявление перспективных сортообразцов, отвечающим требованиям современного производства к разнообразию внешних факторов и качеству продукции.

Наибольшее распространение в Среднем Поволжье благодаря высокой конкурентоспособности получили формы гексаплоидной тритикале ($2n=42$) с геномной формулой AABBRR, которую выращивают как зерновую и укосную культуру. Тритикале представляет большой интерес, как для прямого использования в сельскохозяйственном и промышленном производстве, так и в качестве источника ценных генов для селекции. Кроме того, тритикале является удачным объектом для изучения генов двух родов в общей генетической среде.

В этой связи нами изучаются важнейшие признаки культуры и их изменчивость у гексаплоидных тритикале различной генеалогии, что актуально, как с теоретической (частная генетика культуры и сравнительная генетика зерновых злаков), так и с практической (поиск источников хозяйствственно-ценных признаков) точек зрения. В Татарском НИИСХ селекция озимой тритикале ведется более 10 лет. Наиболее ответственным этапом является выявление и формирование ценного исходного материала озимого и ярового образа жизни. В качестве исходного материала в нашей работе используются линии и гибриды собственной селекции, образцы коллекции ФИЦ ВИГРР им. Н.И.Вавилова, селекции ФРАНЦ, Московского НИИСХ «Немчиновка».

Потенциал урожайности тритикале в Республике Татарстан проявился в 2009 и 2017 годах, достигнув 10 т/га. Урожайность генофонда изменялась в широких пределах 5,12-9,56 т/га. На основе изучения адаптивности и урожайности в конкурсном сортоиспытании установлено, что лучшими показателями выделяется сорт Бета (совместный сорт селекционеров ТатНИИСХ и НПЦ НАН Беларусь по земледелию). По содержанию незаменимых аминокислот белок зерна озимой тритикале на 104-110% соответствовал рекомендованным нормам ФАО/ВОЗ. Поэтому для продовольственных целей создан новый сорт тритикале Светлица с высокими пищевыми достоинствами и биологической ценностью.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И СЕЛЕКЦИОННЫЕ ПОДХОДЫ К ОЦЕНКЕ СОДЕРЖАНИЯ И СТРУКТУРЫ АРАБИНОКСИЛАНОВ ОЗИМОЙ РЖИ

Пономарев С.Н. *, Пономарева М.Л., Маннапова Г.С., Гильмуллина Л.Ф., Горшкова Т.А., Козлова Л.В., Горшков О.В., Мокшина Н.Е., Назипова А.Р.

ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН, Россия, 420059, Казань, ул. Оренбургский пр., д. 48; КИББ ФИЦ
КазНЦ РАН, Россия, 420111, Казань, ул. Лобачевского д.2/31

* smpronotarev@yandex.ru

Арабиноксиланы (АК) являются пентозосодержащими углеводными биополимерами и вторичными метаболитами клеточных стенок злаковых культур. АК ржи имеют особую технологическую значимость в сфере переработки и формировании качества конечного продукта при помоле зерна, пивоварении, хлебопечении, кормлении за счет их высокой вязкости и влагоудерживающих свойств. Дифференцирующим показателем, определяющим направление диверсификации ржаного зерна, служит качественный состав и содержание пентозанов. Создание сортов разнопланового использования — приоритетная задача селекции озимой ржи.

Нами проводятся исследования по разработке фундаментальных основ структурно-биологических и функциональных свойств пентозанов ржи, а также генотипирования и фенотипирования популяций и линий, контрастных по количеству некрахмальных полисахаридов. Расширен спектр методических подходов и характеристик, позволяющих наиболее объективно и экономично оценить селекционный материал по содержанию пентозанов. Впервые на основе комплексной оценки с помощью высокоэффективной жидкостной и анионообменной хроматографии, спектроскопии, биохимического анализа и определения экстрагируемой вязкости были выявлены и вовлечены в селекционную работу разнообразные по содержанию пентозанов генотипы озимой ржи, в том числе новые линии собственной селекции. Косвенная оценка пентозановой фракции посредством определения вязкости водного экстракта ржаного шрота позволяет начинать отбор на ранних этапах селекционного процесса. У малопентозановых линий выявлена значимая корреляция вязкости и содержания водорастворимой фракции арабиноксиланов ($r = 0,745$). Наследуемость вязкости водного экстракта зернового шрота составила $H_2 = 0,71$, генотипический коэффициент вариации — 32,53 %, что свидетельствует о целесообразности совершенствования этого показателя селекционными методами. Показано, что арабиноксиланы в зерне низкопентозановых сортов представлены не только в меньших количествах, но и характеризуются меньшей степенью полимеризации. У высокопентозановых сортов полисахариды представлены сверхмассивными молекулами, участвующими в образовании высоковязких растворов.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке грант РФФИ: 17-29-08023 офи_м

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СЕЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ РЖИ В РОССИИ

Пономарева М.Л.^{1,2}, * Пономарев С.Н.¹

¹ ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН, Россия, Казань, Оренбургский тракт, д. 48; ² Казанский (Приволжский) федеральный университет, Россия Казань, ул. Кремлевская, д. 18

* smpronotarev@yandex.ru

Рожь (*Secale cereale L.*) - аллогамный вид, поэтому является трудным объектом для поддержания в геновых банках и селекции по сравнению с пшеницей. В 94 генбанках мира хранится 22200 образцов ржи, три четверти из которых находятся в европейских коллекциях. Генетические ресурсы пшеницы насчитывают свыше 735 тыс. образцов. В Государственном реестре РФ зарегистрирован 81 сорт ржи, тогда как по пшенице допущено к использованию 314 сортов.

Научная селекция ржи имеет 150-летнюю историю. Главными современными методическими направлениями являются популяционная селекция и создание гетерозисных гибридов F₁. Эффективность каждого из них зависит от уровня генетического разнообразия исходного материала, гибридных популяций, методологической базы отбора желаемых генотипов в ходе селекционного процесса. Если вопросы создания сортов устойчивых к полеганию и прорастанию зерна в колосе решаются российскими селекционерами довольно успешно, то традиционные задачи создания сортов устойчивых к стрессовым факторам и наиболее вредоносным болезням, особенно в условиях нестабильности климата, а также адресного использования получаемого зерна, остаются актуальными, и по сей день. Рассмотрены основные приоритеты и селекционные достижения российской селекции за последние 30 лет.

До недавнего времени для ржи практически отсутствовала информация о генетической архитектуре большинства селектируемых признаков и диагностических маркерах с целью применения их как многообещающего инструмента. Сейчас ситуация меняется кардинально. На протяжении последних 10 лет было проведено несколько фундаментальных молекулярно-генетических исследований (Haseneyer e.a, 2011, Bauer e.a, 2017 и др.) по секвенированию последовательности генома ржи. К настоящему моменту в геноме ржи картировано более 450 генов, контролирующих признаки или известные белки, а также свыше 5400 ДНК-маркеров для крупномасштабного генотипирования. Маркер-контролируемый отбор и геномная селекция, основанная на полногеномных данных по маркерам, служат для прогнозирования показателей получаемых гибридных форм.

Основной целью нашей селекционной деятельности является создание высокопродуктивных, экологически адаптивных и соответствующих требованиям рынка сортов ржи. Обсуждаются несколько стратегий и подходов, которые реализуются в нашей селекционной программе. Первый связан с расширением генотипической изменчивости, которая используется для повышения урожайности, второй – с достигнутыми результатами в повышении технологических качеств новых сортов.

РАЗВИТИЕ СЕЛЕКЦИОННЫХ СТРАТЕГИЙ ОЗИМОЙ РЖИ: ОТ МАССОВОГО ОТБОРА ДО ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ

Пономарева М.Л.* , Пономарев С.Н.

ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН, Россия, Казань, Оренбургский тракт, д. 48;

* smpronotarev@yandex.ru

Озимой ржи придается большое значение в мировой экономике и продовольственных традициях 7 европейских стран, где этой культурой занято свыше 100 тыс. га (Россия, Германия, Польша, Беларусь, Дания, Испания, Украина). Согласно данным ФАОСТАТ в 2017 г. мировое производство ржи составило 13,7 млн. тонн зерна ржи, из которых 11,2 млн. тонн выращено на европейском континенте при средней урожайности 30,6 ц/га.

Специфичность селекционной работы в ржесеющих странах и регионах РФ обусловлена особенностями климатических условий, почвенным плодородием, национальными традициями потребителей. Главными направлениями селекции на ближайшие годы остаются адаптивность к неблагоприятным абиотическим и биотическим факторам среды, увеличение урожайности, адресное использование конечной продукции и ее высокое качество. Работа в этом направлении привела ведущих производителей озимой ржи в Европе к замене традиционных популяционных сортов на гибриды F1 на 60% площадей.

В селекции ржи для формирования нового генетического фонда используются три основных метода: отбор в уже существующих популяциях, рекомбинация с использованием простых и сложных скрещиваний, индуцирование мутаций. Впервые гибридизацию и направленный отбор ржи с целью создания сортов начали проводить во второй половине XIX века в Германии и Эстонии. Развитие самих методов отбора идет от массового отбора через индивидуальный отбор или семейственный отбор к методу половинок (резервов) и введению таких элементов как поли и топкросс-тест.

В последние годы генетика ржи стремительно развивается. Технологии молекулярных маркеров и создание насыщенных генетических карт ржи создали предпосылки для более обширных исследований QTL. В настоящее время с помощью молекулярных маркеров решается большое число задач функциональной и структурной генетики и геномики ржи, часть из которых нашли свое применение в практической селекции. Применительно ко ржи геномная селекция, в отличие от маркер-ориентированной, является более перспективной методологией для быстрого улучшения количественных признаков растений.

ОТДАЛЕННАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ В СОЗДАНИИ УЛЬТРАСКОРОСПЕЛЬНЫХ ФОРМ ПШЕНИЦЫ

Пузырная О.Ю., Беспалова Л.А., Агаева Е.В., Набоков Г.Д., Новиков А.В., Тархов И.С.*

ФГБНУ «НЦЗ им. П.П. Лукьяненко», Россия, г. Краснодар, 350012, п/о-12, Центральная усадьба
КНИИСХ

* ivan.tarkhov.88@mail.ru

Продолжительность вегетационного периода очень важный биологически адаптивный и хозяйственno - ценный признак для селекции пшеницы. С ним связано несколько других свойств, определяющих «уход» от засухи, устойчивость к болезням, урожайность и качество зерна [1]. Академиком П.П.Лукьяненко (1932) была выявлена отрицательная корреляция между урожайностью и длиной вегетационного периода. С учетом этих закономерностей селекция озимой пшеницы на Кубани была направлена на выведение разновременно созревающих, устойчивых к полеганию сортов с высоким качеством зерна.

В настоящее время, возделывающиеся в крае сорта различаются по продолжительности вегетационного периода на 14 дней. Это позволяет получать высокую урожайность при изменяющихся погодных условиях уменьшив потери от перестоя, сохранить урожай и качество зерна.

Очень скороспелый (ультраскороспелый) сорт Юбилейная 100 созревает за 232-235 суток, включая зимний период. Используя межродовую гибридизацию (пшеница / рожь // пшеница и тритикале / пшеница // F1 пшеница / пшеница) в системе сложной ступенчатой гибридизации нам удалось создать селекционный материал с вегетационным периодом еще на 7 суток (225-228) короче, чем у сорта Юбилейная 100.

Новый селекционный материал характеризуется сочетанием короткостебельности, хорошей зимостойкости, высоким качеством зерна. По урожайности не уступает стандартному сорту.

[1]. Пучков Ю.М. Селекция ультраскороспелых сортов озимой пшеницы для Кубани / Ю.М. Пучков, Г.Д. Набоков, И.Н. Кудряшов, Т.Ф. Солярек, Н.П. Фоменко //Основные итоги научно-исследовательской работы (1947-1997 гг.). - Краснодар. -1997. - С. 34-50.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР К НАСЕКОМЫМ

Радченко Е.Е.

*Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42, 44
eugene_radchenko@rambler.ru*

Устойчивость кормовых растений – один из основных факторов, определяющих микроэволюционные процессы в популяциях насекомых, питающихся на зерновых культурах. Для большинства экономически важных фитофагов характерно дифференциальное взаимодействие с генотипами хозяина. Следовательно, целесообразная стратегия селекции зерновых на устойчивость к вредителям предусматривает расширение генетического разнообразия возделываемых сортов. Взаимодействие насекомых с растениями подчиняется отношениям «ген для гена». Для генов устойчивости растений характерны тесное сцепление и множественный аллелизм. Реализующийся генотип растения зависит от биотипа фитофага – т.е. у одного и того же сорта в разных ареалах вредителя могут проявляться и разные гены устойчивости. Гены устойчивости различаются в отношении стабильности проявления. В «вертикальных» системах взаимодействия всегда присутствуют малые гены устойчивости и вирулентности, а часто достаточно высокий уровень устойчивости к вредителям может контролироваться лишь малыми генами. Длительность сохранения сортами устойчивости не связана ни с ее фенотипическим проявлением, ни с числом генов устойчивости. Одним из объяснений феномена длительно сохраняющейся устойчивости служит существование связи мутации вирулентности с жизнеспособностью вредного организма. Выявлены растительные белки, обладающие пестицидной активностью; обсуждается роль вторичных метаболитов растений. Генетический контроль биосинтеза ряда защитных соединений хорошо изучен. Устойчивость злаков к вредителям связывают с реакцией сверхчувствительности. Самый обширный класс генов, определяющих устойчивость растений к фитопатогенам и вредителям, составляют гены, кодирующие белки с сайтом связывания нуклеотидов (NBS) и регионом обогащенного лейцином повторов (LRR). Взаимодействие фитопатогенов и фитофагов с растениями состоит из одних и тех же этапов. В обоих случаях взаимодействуют две сопряженно эволюционирующие системы, и, вследствие этого, особенности фенотипического проявления генов устойчивости растений к вредным организмам расоспецифичны. Специфика системы «растение – насекомое» обусловлена активной ориентацией вредителей в окружающей среде. Кроме того, в большинстве случаев микроэволюционные процессы в популяциях фитофагов идут значительно медленнее по сравнению с популяциями возбудителей заболеваний. Поэтому анатомо-морфологические особенности растений, в отличие от фитопатогенов, обеспечивают в ряде случаев феноменально длительную устойчивость.

ВЫЯВЛЕНИЕ ЛОКУСОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ УСТОЙЧИВОСТЬ ЯРОВОГО ЯЧМЕНИ К ТЕМНО-БУРОЙ ПЯТНИСТОСТИ, НА ОСНОВЕ АССОЦИАТИВНОГО КАРТИРОВАНИЯ

Розанова И.В.^{1*}, Лашина Н.М.², Ефимов В.М.¹, Афанасенко О.С.²,
Хлесткина Е.К.^{1,3}

¹Федеральный исследовательский центр «Институт цитологии и генетики СО РАН», Россия, Новосибирск, Лаврентьева, 10; ²ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений», Россия, Санкт-Петербург, г. Пушкин, ш. Подбельского, д. 3; ³Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

** bykova@bionet.nsc.ru*

Цели: Темно-бурая пятнистость, вызываемая патогеном *Cochliobolus sativus*, и сетчатая пятнистость, вызываемая патогеном *Pyrenophora teres* F. *teres* это две широко распространённые и вредоносные болезни ячменя. Выявление генетических локусов, ассоциированных с сопротивляемостью как к *C. sativus*, так к *P. teres* F. *teres* важная задача для маркер ориентированной селекции. Целью настоящей работы является выявление локусов, ответственных за сопротивляемость проростков к различным патогенам *C. sativus* и *P. teres* F. *teres* в Сибирской коллекции ярового ячменя.

Методы: Была создана коллекция из 96 сортов и линий ярового ячменя. Все 96 сорта были профенотипированы на стадии проростков к двум изолятам *C. sativus* (Kr2 и Ch3) и к четырем изолятам *P. teres* (S 10.2, K 5.1, P 3.4.0, A 2.6.0). Около 42% - 47% и 15% - 40% генотипов были устойчивы к темно-бури и сетчатой пятнистостям соответственно. Для 94 сортов было проведено генотипирование на чипе Illumina Infinum с 50 тысячами маркеров, из которых 27,319 SNP (62%) прошли контроль по качеству и были использованы для ассоциативного картирования. Данные обрабатывались с помощью программ Microsoft Excel, Tassel 5, PASS и пакета R.

Результаты: Анализ данных с помощью GLM выявил 3 и 27 SNP для изолятов темно-бури пятнистости Kr2 и Ch3 соответственно, и 5, 2, 28 и 2 SNP для изолятов сетчатой пятнистости S10.2, K5.1, P3.4.0, A2.6.0 соответственно. Всего три геномных региона были ассоциированы с сопротивляемостью к темно-бури пятнистости на хромосомах 1Н, 2Н, 3Н и семь с сопротивляемостью к сетчатой пятнистости на хромосомах 1Н, 2Н, 3Н и 6Н.

Значимые SNP, выявленные в настоящей работе могут быть использованы в разработке ПЦР-маркеров для более динамичной селекции устойчивых сортов ячменя.

Благодарности: Работа выполнена при поддержке гранта РНФ №16-14-00086.

СЕКВЕНИРОВАНИЕ ГЕНОМА ПШЕНИЦЫ - НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ

Салина Е.А.

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. Лаврентьева 10
salina@bionet.nsc.ru

В результате расшифровки геномов сельскохозяйственных культур формируется два важных ресурса, которые используются в дальнейших прикладных исследованиях: базы данных по молекулярным маркерам и по первичной структуре генов. В 2018 году завершено секвенирование генома пшеницы Международным консорциумом, в том числе и с нашим участием, в результате которого построен референсный геном пшеницы сорта Чайниз Спринг, охватывающей 94% реального генома протяжённостью около 15 млрд.п.н.[1]. Референсный геном представляет собой набор из 21 псевдомолекулы, соответствующей 21 хромосоме гаплоидного генома мягкой пшеницы (BAD). В общей сложности было идентифицировано 107,891 генов с относительно равномерным распределением по субгеномам B, A и D (35,643, 35,345 и 34,212).

Еще в процессе выполнения первых этапов секвенирования было разработано более 90000 SNP (single nucleotide polymorphism) маркеров, и созданы чипы для анализа образцов пшеницы. Ранее такие подходы для генотипирования пшеницы отсутствовали, сейчас SNP-чипы активно используются нами и другими российскими учеными для отработки технологии геномной селекции применительно к селекционному процессу, а также для идентификации новых генов, участвующих в формирование хозяйствственно-ценных признаков. Помимо SNP маркеров проводилась разработка SSR маркеров, ген-специфичных маркеров, преобразование SNP для KASP (Competitive allele specific PCR) технологий (KASP –маркеры), которые активно привлекались к маркер-ориентированной селекции.

Важным является тот факт, что с появлением референсной последовательности генома пшеницы резко увеличивается число работ, связанных с изучением структуры генов, определяющих хозяйственно-ценные признаки, что ранее было возможно только для ограниченного числа генов. В том числе мы привлекаем референсную последовательность хромосомы 5B для определения первичной структуры генов, формирующих устойчивость к бурой ржавчине у серии созданных тестерных линий мягкой пшеницы.

И наконец, будет сделан существенный вклад в работы по геному редактированию, так как эффективность таких работ напрямую связана с наличием расшифрованного генома.

[1]. International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC), Science 361, 661 (2018)

ПРОДУКТИВНОСТЬ И КАЧЕСТВО ЗЕРНА У ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СЕЛЕКЦИИ НИИСХ ЮГО-ВОСТОКА

Сибикеев С.Н.¹, Дружин А.Е.¹, Баранова О.А.^{2*}, Гультяева Е.И.²

¹ Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Юго-Востока, Россия, Саратов, ул. Тулайкова, д.7; ² Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Россия, Санкт-Петербург-Пушкин, шоссе Подбельского, 3

^{*} baranova_oa@mail.ru

Интрагрессивные линии яровой мягкой пшеницы анализировали в 2016-2018 гг. Продуктивность зерна 23х линий сравнивали с сортом-стандартом Фаворит. Качество зерна и теста оценивали по содержанию и качеству сырой клейковины и показателям альвеографа. Вегетационные условия 2016 и 2017гг. были благоприятными, а в 2018г. остrozасушливыми. В 2016г. наблюдалась сильная эпифитотия стеблевой ржавчины, в 2017г. - сильная эпифитотия бурой ржавчины и средняя стеблевой, в 2018 г. – слабое проявление болезней. Таким образом, интрагрессивные линии были оценены как в благоприятных условиях при прессе заболеваний, так и при засухе, когда пресс болезней отсутствовал. За три года анализа не выявлено значимых различий по продуктивности зерна между линиями и сортом Фаворит. Выделены перспективные линии: Л375= Л505/3/Croc/Ae.squ(205)//Weav/4/Л505/5/Л505: средняя урожайность зерна 2643 кг/га, превышение сорта-стандарта в двух годах из трёх, низкорослая, устойчивая к полеганию, стеблевой и бурой ржавчинам (идентифицированы гены *Lr19/Sr25+Lr26/Sr31+Lr41*); Л452= Л505*2/Прох//Бел: высокорослая, но устойчивая к полеганию, к стеблевой и бурой ржавчинам (идентифицированы гены *Lr10+Lr6Agⁱ/Sr6Agⁱ +Lr26/Sr31*) средняя урожайность зерна 2935 кг/га, превышение сорта Фаворит в 2017 году, в 2016 и 2018 гг. на уровне сорта-стандарта. По содержанию клейковины почти все интрагрессивные линии соответствовали уровню сильных пшениц. Выявлено, что комбинация 7DL-7Ae#1L+1BL-1RS транслокаций не влияет на содержание и качество клейковины, упругость теста, отношение упругости теста к растяжимости, но снижает силу муки. По хлебопекарным свойствам выявлено незначимое снижение объёма хлебцев, по пористости различий не было. При этом у линии Л375 сила муки была выше, чем у сорта-стандарта, а по объёму хлебцев все линии с 7DL-7Ae#1L+1BL-1RS транслокациями были на уровне или выше стандарта. У линии Л452 отмечено влияние комбинации 6D(6Agⁱ) и 1BL-1RS транслокации. По всем показателям альвеографа, кроме объёма хлеба, она превзошла сорт Фаворит. У неё отмечена максимальная сила муки для линий с 1BL-1RS транслокацией. В целом выделились пять линий с высокой силой муки, превышающие порог для сильных пшениц. Максимальная сила муки, которая составила 556 ед.а, отмечена у линии Л367= Добр*4/3/Croc/Ae.squar(205)//Weaver с идентифицированными генами *Lr9* и *Lr19/Sr25* (транслокации от *Aegilops umbellulata* и *Agropyrum elongatum*).

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ № 18-016-00170 а

ВНУТРИВИДОВАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ГЕНОМОВ ОРГАНЕЛЛ ЯЧМЕНЯ (*HORDEUM VULGARE L.*) НА ПРИМЕРЕ КОЛЛЕКЦИИ АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ

Синявская М.Г.*¹, Макаревич А.Е.¹, Панкратов В.С.¹, Луханина Н.В.¹, Голоенко И.М.¹, Левданский О.Д.¹, Шимкевич А.М.¹, Даниленко Н.Г.¹, Давыденко О.Г.¹

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Беларусь, Минск, Академическая 27
** m.sin@inbox.ru*

Алло- и изоплазматические линии являются удобной экспериментальной моделью для изучения эффектов и взаимодействия ядерных и цитоплазматических геномов. Маркирование геномов органелл таких форм необходимо для корректной оценки получаемых данных.

Изучение полиморфизма хлоропластной и митохондриальной ДНК у злаков ранее проводилось методами ПДРФ, ПЦР-ПДРФ, микросателлитного анализа, секвенирования отдельных районов и т.д. Развитие и совершенствование подходов к секвенированию нового поколения (NGS) позволяет получать новые уникальные данные о сравнительной изменчивости всего генома, как хлоропластов, так и митохондрий, выделить контрастные плазмтипы.

С целью сравнительного исследования геномов органелл в коллекции аллоплазматических линий ячменя (различающихся по происхождению доноров цитоплазмы) и их эуплазматических аналогов проведено NGS (Illumina, MiSeq).

Разработан и верифицирован подход к анализу результатов NGS смесей хлоропластной и митохондриальной ДНК ячменя. Собраны новые полные сиквенсы пластидных и митохондриальных геномов *Hordeum vulgare ssp. vulgare*, *H.vulgare ssp. spontaneum*. Проведен сравнительный анализ изменчивости органельных геномов образцов ячменя из коллекции аллоплазматических линий, получены данные о внутрипопуляционной изменчивости.

Построение филогенетических деревьев на основании полученных полногеномных последовательностей дополняет представления об эволюции внутри рода *Hordeum*.

Благодарности: Данная работа выполнена при поддержке ГПНИ «Биотехнология» 2016-2020гг. задание 2.06.

НЕКОТОРЫЕ АСПЕКТЫ СИСТЕМАТИКИ ГОЛОЗЕРНОЙ ПОЛБЫ (*TRITICUM DICOCCEUM* (SCHRANK) SCHUEBL.)

Смекалова Т.Н.*, Кобылянский В.Д.

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, 190000, ул. Большая Морская, 42-44

** t.smekalova@vir.nw.ru*

Triticum dicoccum хорошо отличается по морфологическим признакам от других видов пшеницы [1]. Плотные узкие (сжатые), обычно пятицветковые, колосья с ломкой осью снабжены длинными остьюми; двурядная сторона колосьев обычно шире однорядной; колос легко распадается на отдельные колоски, и др. В последние годы интерес к полбе возрос в связи с диетической ценностью ее зерна, которое используют при изготовлении высококачественных крупяных продуктов для пациентов, страдающих диабетом и сердечно-сосудистыми заболеваниями; *T. dicoccum* активно используется для селекции новых сортов пшениц. Поэтому таксономическая ревизия данного вида актуальна, анализ изменчивости внутривидовых признаков необходим и своевременен [2]. Недостатками полбы в качестве культуры можно считать ломкий колос, трудная вымолачиваемость. Наряду с плёнчатыми сортами полбы сейчас выведена голозёрная полба, зерно которой легко отделяется от колосковой оболочки, поэтому её легче обмолачивать, при этом целостность зародыша и внешней оболочки не нарушаются. Получена голозёрная полба с использованием межвидовых скрещиваний растений разных сортов твердой (голозерной) пшеницы *T.durum* Desf. с растениями разных местных сортов пленчатой полбы *T.dicoccum*; голозерность (обмолачиваемость) растений составляет 95-100%. Выращивается в Среднем и Нижнем Поволжье, на Российском Кавказе, в Предуралье. Данной полбе можно придать статус подвида.

[1]. Dorofeev V.F., Udachin, R. A., Semenova L. V., Novikova M. V., Gretchaninov O. D., Shitova I. P., Merezko, A. F., Filatenko, A. A., Wheat in the world. publishing house Agropromizdat, publishing House 2-е, L., 1987, 560 p. [in Russian]. (Дорофеев В.Ф., Удачин Р.А., Семенова Л.В., Новикова М.В., Градчанинова О.Д., Шитова И.П., Мережко А.Ф., Филатенко А.А., Пшеницы мира. изд-во Агропромиздат, Изд-е 2-е, Л., 1987, 560 с.).

[2]. Goncharov N. P. Systematics of the genus Triticum: the problem of classifications. // Doc. RAAS. 2000. - № 2. - Р. 3-5. [in Russian]. (Гончаров Н.П. Систематика рода Triticum: проблема классификаций. // Докл. РАСХН. 2000. - № 2. - С. 3-5).

Благодарности: Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по теме № 0662-2018-0013, номер государственной регистрации ЕГИСУ НИОКР: AAAA-A16-116040710370-0.

ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ ТРАНЛОКАЦИЙ ОТ *AEGILOPS SPELTOIDES* TAUSCH НА ЗИМОСТОЙКОСТЬ И УСТОЙЧИВОСТЬ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ У ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ

Стасюк А.И.*¹, Леонова И.Н.¹, Салина Е.А.¹

*Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия,
630090, г. Новосибирск, пр. ак. Лаврентьева, 10;*

* *stasyuk@bionet.nsc.ru*

Дикие и культурные сородичи пшеницы часто используются для обогащения ее генома полезными генами. Вид *Aegilops speltoides* Tausch является одним из таких источников, который содержит ряд генов устойчивости к грибным болезням. Целью работы был отбор с помощью молекулярных маркеров озимых форм мягкой пшеницы, содержащих транслокации от *Ae. speltoides*, полученных в результате гибридизации озимых сортов с яровыми донорами генов устойчивости, и их оценка по перезимовке и устойчивости к бурой ржавчине. Материалом послужили растения, полученные от скрещивания озимых сортов мягкой пшеницы Новосибирская 3 и Новосибирская 40 с яровыми интрагрессивными линиями 11-8 и 21-4. Используемые озимые сорта являются адаптированными к условиям Западной Сибири и обладают хорошей зимостойкостью и продуктивностью, но чувствительны к большинству рас бурой ржавчины. Яровые интрагрессивные линии 11-8 и 21-4 характеризуются наличием транслокаций с локусами устойчивости к бурой ржавчине от *Ae. speltoides* в хромосомах 7D и 5B, соответственно. При помощи ПЦР с аллель-специфичными праймерами был проанализирован аллельный состав *Vrn-1* генов у родителей и гибридов F₂. Для отбора растений, несущих транслокации в 7D хромосоме, был использован SSR маркер *Xgwm130*. Для идентификации локуса интрагрессий в хромосоме 5B использовали разработанные праймеры *Pr1/Pr5*. С помощью маркеров было отобрано 90 гомозиготных озимых растений, из них 32 растения содержали интрагрессии. Оценку зимостойкости и устойчивости к бурой ржавчине проводили с 2015 по 2018 гг. Отобрано 12 линий из комбинации Новосибирская 3 × 11-8, у которых зимостойкость была выше родительского сорта. Из них 4 линии несли транслокацию в 7D хромосоме от *Ae. speltoides*. В других комбинациях различий по перезимовке не выявлено. Показано, что все растения, несущие транслокации, были устойчивы к бурой ржавчине.

Благодарности: Данная работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ 16-16-00011.

РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ДУПЛИЦИРОВАННЫХ ГЕНОВ БИОСИНТЕЗА ФЛАВОНОИДОВ У ВИДОВ ТРИБЫ TRITICEAE

Стрыгина К.В.^{1,*}, Хлесткина Е.К.^{1,2}

¹ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* pushpandzhali@bionet.nsc.ru

Вторичные метаболиты flavonoids синтезируются большинством высших растений, включая злаки. Регуляция экспрессии генов биосинтеза flavonoids может осуществляться с помощью генетических и эпигенетических механизмов. Генетическая регуляция происходит с помощью комплекса «MBW», который формируется благодаря совместному действию транскрипционных факторов (ТФ) Myb, bHLH и WD40. При этом такой эпигенетический фактор, как метилирование ДНК, имеет важное значение для связывания ТФ с *цис*-регуляторной областью генов. Однако механизмы регуляции тканеспецифической экспрессии генов биосинтеза flavonoids у злаков до сих пор слабо исследованы. Целью настоящей работы была характеристика копий генов MYB, bHLH и WD40 в трибе Triticeae, с одной стороны, и исследование паттернов метилирования промоторов дуплицированных генов биосинтеза flavonoids мягкой пшеницы *Triticum aestivum*, с другой. В данной работе в геномах представителей трибы Triticeae были впервые идентифицированы и охарактеризованы копии генов *bHLH* во 2 и 4 гомеологических группах хромосом, копии генов *Myb* в 4 и 7 гомеологических группах хромосом, а также ортологи WD40-кодирующее гена кукурузы *ZmPAC1* на хромосомах 6 гомеологической группы. Благодаря изучению структуры данных генов и исследованию их транскрипционной активности впервые был выявлен полный спектр регуляторных генов MBW, контролирующих синтез антоцианов в перикарпе зерновки пшеницы *T. aestivum* и алейроновом слое и перикарпе ячменя *Hordeum vulgare*. Мы продемонстрировали, что основным регулятором появления голубой окраски зерна ячменя является bHLH-кодирующий ген *HvMyc2* (4HL). Информация об аллельных различиях в этом гене использовалась для разработки CAPS-маркера, позволяющего проводить ускоренную селекцию сортов с повышенной пищевой ценностью зерна. Также был выявлен bHLH-кодирующий ген-кандидат, определяющий окраску колеоптиле мягкой пшеницы, - *TaMyc-B1* (2BL). Было показано, что гены *bHLH* второй гомеологической группы хромосом пшеницы являются потенциальными регуляторами биосинтеза антоцианов в колеоптиле пшеницы в условиях стресса. Кроме того, в результате анализа паттернов метилирования промоторов регуляторных и структурных генов биосинтеза flavonoids мягкой пшеницы было показано, что в специфичном характере регуляции экспрессии изученных генов метилирование данных областей не вносит существенного вклада. Таким образом, характер метилирования промоторов данных генов не является ключевым в регуляции транскрипции. В целом результаты сравнения структурно-функциональной организации ортологичных, гомеологичных и паралогичных копий генов биосинтеза flavonoids демонстрируют, что поддержание их функционального состояния у представителей трибы Triticeae является причиной их тканеспецифической активности.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РНФ (№ 16-14-00086).

СЕЛЕКЦИЯ ГИБРИДОВ КУКУРУЗЫ РАЗЛИЧНЫХ ГРУПП СПЕЛОСТИ С БЫСТРОЙ ОТДАЧЕЙ ВЛАГИ ЗЕРНОМ ПРИ СОЗРЕВАНИИ

Супрунов А.И.*, Парпуренко Н.В., Терещенко А.А.

ФГБНУ «НЦЗ им.П.П.Лукьяненко», Россия, г.Краснодар, 350012 Центральная усадьба КНИИСХ

* suprunov-kniiisx@mail.ru

В последние годы существенным образом увеличились площади посева и расширились регионы возделывания раннеспелых и среднеранних гибридов кукурузы селекции НЦЗ им.П.П.Лукьяненко. В 2018 году данные гибриды высевались в Российской Федерации и странах СНГ на площади более 700 тыс.га.

Возделывание в условиях Северо-Кавказского региона гибридов с быстрой отдачей влаги зерном при созревании позволяет рано освобождать поля под посев озимых культур без досушки зерна. В Центральном, Центрально-Черноземном и Нижневолжском регионах где были районированы данные гибриды, товаропроизводителям удается получать как высококачественный силос, хороший корнаж, так и зерно кукурузы с пониженной уборочной влажностью [1].

Поэтому селекция гибридов с быстрой отдачей влаги зерном при созревании является актуальной задачей. В качестве источника быстрой влагоотдачи зерном при созревании, при создании нового исходного материала мы использовали линию донор быстрой влагоотдающей из коллекции центра – КР602 [2].

С участием новых линий 2017 году районирован раннеспелый гибрид кукурузы по 3,5,7 регионам России - Краснодарский 205 АМВ и в 2018 году, среднеранний гибрид Краснодарский 295 АМВ по 6 и 8 регионам [3]. В 2017 году Государственное сортоиспытание с участием новых линий был передан раннеспелый гибрид кукурузы Краснодарский 202МВ.

В условиях Северо-Кавказского и Центрально-Черноземного регионе данные гибриды формировали урожай зерна 85,8-106,6 ц с 1 га, при этом их уборочная влажность была ниже чем у стандарта на 2,7-2,9%.

- 1) Супрунов, А.И. Селекция раннеспелых и среднеранних гибридов кукурузы с пониженной уборочной влажностью зерна при созревании / А.И.Супрунов, А.А.Терещенко, А.Ю.Слащев, Н.В.Парпуренко // Политематический сетевой журнал Кубанского Аграрного Государственного университета – г.Краснодар,2016, № 09(123)-с.113-126.
- 2) Супрунов, А.И. Селекция среднеранних гибридов кукурузы с быстрой отдачей влаги зерном при созревании в условиях Центральной зоны Краснодарского края / А.И.Супрунов, А.А.Терещенко // Журнал «Достижения науки и техники АПК» г.Москва, 2016, № 1-с.30-32.
- 3) Супрунов, А.И. Селекция среднеранних гибридов кукурузы для Северо-Кавказского и Центрально-Черноземного регионов России при возделывании их на зерно / А.И.Супрунов, А.А.Терещенко, Н.В.Парпуренко, О.А.Кольцова // Журнал «Рисоводство» г.Краснодар, 2017, № 4(37) –с.17-21.

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ В БЕЛАРУСИ СОРТОВ ОВСА ПОСЕВНОГО С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SSR-МАРКЕРОВ

Сычева Е.А.*[,] Дробот Н.И., Дубовец Н.И.

*Институт генетики и цитологии НАН Беларусь, Республика Беларусь,
220027, г. Минск, ул. Академическая, 27,
* E.Sycheva@igc.by*

Эффективность работы по созданию новых сортов любой культуры во многом определяется знанием генетической изменчивости включенного в селекционный процесс материала. Для её идентификации используются различные методы, однако на сегодняшний день наибольшее применение получили методы молекулярно-генетического анализа, позволяющие оценивать полиморфизм на уровне ДНК, причем наиболее информативными для этих целей считаются микросателлитные маркеры.

Нами была проведена оценка генетического разнообразия возделываемых в Республике Беларусь сортов *Avena sativa* L. (8 сортов отечественной селекции: Дебют, Запавет, Золак, Лидия, Мирт, Страмец, Факс, Фристайл; 2 сорта иностранной селекции: Айвори (Германия) и Bingo (Польша)) с использованием 10 SSR-маркеров (AM1, AM3, AM4, AM5, AM7, AM14, AM15, AM22, AM53 и AM83), отобранных на основании анализа литературных данных. В анализ были включены также раннеспельные польские сорта Sprinter и Stopper и канадские сорта Goslin и Francis.

В общей сложности, в 10 исследованных SSR-локусах был выявлен 51 аллель, при этом их количество варьировало от 2 до 9 на локус. Наиболее полиморфными оказались локусы AM1, AM7 и AM22 – 7, 9 и 8 аллелей, соответственно. Следует, однако, отметить, что максимальное количество аллелей в данных локусах было характерно для иностранных сортов. Сорта отечественной селекции в локусе AM1 содержали лишь два аллеля, причем аллель 152 п.н. был отмечен только у сорта Лидия. Локус AM7 у белорусских сортов был представлен 6-ю аллелями, а AM22 – 4-мя. Отсутствием полиморфизма характеризовался локус AM53, который у всех проанализированных сортов содержал аллель 341 п.н. Мономорфным у иностранных сортов был также локус AM5 (131 п.н.), в то время среди белорусских сортов половина содержала аллель 131 п.н., а другая половина – 134 п.н. Из 36 аллелей, выявленных в целом у белорусских сортов, 11 не встречались в иностранных сортах, для которых, в свою очередь, индивидуальными были 15 аллелей из 40 идентифицированных.

По результатам исследований выявлены высокоинформативные маркеры AM3, AM7 и AM22 (PIC равен 0,88, 0,86 и 0,81, соответственно), которые рекомендуется использовать для дифференциации генетически близких генотипов овса.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ПРИ СОЗДАНИИ НОВЫХ ГЕНОТИПОВ *T. AESTIVUM* НА ОСНОВЕ ГИБРИДИЗАЦИИ С ВИДАМИ ЯЧМЕНЯ *H. VULGARE* И *H. MARINUM* SSP. *GUSSONEANUM*

Трубачеева Н.В.*[,] Першина Л.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук",

Россия, Новосибирск, 630090,
пр-т академика Лаврентьева 10
natas@bionet.nsc.ru

В нашей работе проводится гибридизация культурного ячменя *H. vulgare* L. ($2n=14$) и дикого *H. marinum* ssp. *gussoneanum* Hudson ($2n=28$) с *T. aestivum* L. для создания новых генотипов мягкой пшеницы с изменчивостью ядерно-цитоплазматических взаимодействий и интrogессией чужеродных генов. В работе с такими генотипами необходима быстрая и качественная идентификация чужеродного генетического материала и детектирование целевых генов в ядерном геноме интрагессивных форм, а также анализ изменчивости митохондриальной (мт) и хлоропластной (хп) ДНК в процессе ядерно-цитоплазматической коадаптации. С этой целью используются GISH-анализ и методы молекулярно-генетического анализа, основанные на ПЦР. Так, с помощью SSR-анализа установлен сортовой состав рекомбинантных аллоплазматических линий (*H. vulgare*)-*T. aestivum* и определены сорта пшеницы – восстановители фертильности и закрепители стерильности на цитоплазме культурного ячменя. Установлено, что процесс формирования алло-линий мягкой пшеницы на основе ячменно-пшеничных гибридов сопровождается изменчивостью не только ядерных, но органельных – (мт) и (хп) геномов. С помощью ПЦР-анализа изучены районы мтДНК *cob*, *nad3-orf156*, *18S/5S* и хпДНК *ndhH*, *rpoB*, *psaA*, *infA*, *ycf5*. Показано, что восстановление фертильности алло-линий ассоциировано с уменьшением копий мт- и хп-ДНК ячменного типа и увеличением копий мт- и хп-ДНК пшеничного типа. Показано, что рекомбинантные алло-линии (*H. vulgare*)-*T. aestivum* с закрепленной фертильностью могут успешно использоваться в качестве исходного материала в селекции при введении в их геном целевых генов устойчивости к грибным патогенам. Интерес к дикому ячменю *H. marinum* обусловлен тем, что есть возможность перенести от этого вида в мягкую пшеницу гены, определяющие устойчивость к абиотическим факторам (засолению, затоплению), и повышенное содержание белка в зерне. Полученные в работе алло-линии (*H. marinum*)-*T. aestivum* и неполные ячменно-пшеничные амфиплоиды ($2n=54$, 55) используются в качестве доноров хромосом дикого ячменя для их интрагессии в геном сортов мягкой пшеницы при получении новых исходных генотипов для селекции. С целью идентификации индивидуальных хромосом *H. marinum* проанализировано 74 EST-маркера ячменя *H. vulgare* и определены маркеры, подходящие для изучения аллоплазматических линий и эуплазматических линий мягкой пшеницы, несущих индивидуальные хромосомы ячменя *H. marinum*.

Работа выполнена при поддержке бюджетного проекта № 0324-2016-0001 и гранта РФФИ (проект 17-04-01738).

РАСПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ *Glu-A1* И *Glu-B1* У ОБРАЗЦОВ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ

Турбаев А.Ж.^{1,*}, Милюкова Н.А.^{1,2}, Дудников М.В.², Ермоленко О.И.³, Соловьев А.А.^{2,3}

¹ Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева, Россия, г. Москва, ул. Тимирязевская, д. 49; ² Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии; ³ Главный ботанический сад имени Н.В. Цицина,
* a.zh.turbayev@mail.ru

Тритикале ($\times Triticosecale$ Wittmack), амфидиплоид пшеницы и ржи, по хозяйственной ценности сравнима с другими зерновыми культурами и заслуживает огромного внимания с точки зрения изучения ее хлебопекарных качеств.

В изученной коллекции яровой тритикале кафедры генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева зарегистрированы все известные для пшеницы аллельные состояния гена *Glu-A1*, аллели которого ассоциированы с качеством хлеба. Аллер *Ax₂* встречается у 52 образцов или 38%, аллель *Ax_{null}* – у 60 образцов или 44%, *Ax₁* – у 23 образцов или 18% изученных образцов.

Полученное распределение аллелей этого гена у изученных образцов, скорее всего, обусловлено тем, что до настоящего времени не велась целенаправленная селекция по запасным белкам и не происходило постепенное вытеснение из образцов нежелательного аллеля *Ax_{null}*, который ассоциирован с низким качеством зерна и встречается практически у половины образцов, представленных в коллекции. Можно предположить, что проведение скрещивание перспективных селекционных образцов с носителями аллелей *Ax₁* или *Ax₂* должно привести к повышению хлебопекарных качеств.

Анализ аллельного состояния гена *Glu-B1*, аллели которого также ассоциированы с хлебопекарными качествами, показал, что у изученных образцов яровой тритикале аллели *Bx₆* и *Bx₁₇* не зарегистрированы, а у 46% образцов встречался аллель *Bx₇*. Наличие аллелей *Bx₁₇* или *Bx₇* ассоциируются с высокими хлебопекарными качествами, в то время как аллель *Bx₆* – с плохими. У 8 образцов обнаружено наличие одновременно аллелей *Ax_{null}*, ассоциируемого с плохими хлебопекарными качествами и аллель *Bx₇*, который связан с высокими хлебопекарными качествами.

СОВМЕСТНОЕ ПРОЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ *DDW1* И *VRN-A1* В ГЕНОМЕ ЯРОВОЙ ТРИТИКАЛЕ В УСЛОВИЯХ ПОЛЕВОГО ОПЫТА

Черноок А.Г.^{1,2,*}, Крупин П.Ю.^{1,2}, Карлов Г.И.¹, Дивашук М.Г.^{1,2}

¹ФГБНУ ВНИИСБ, Россия, Москва, 127550 Тимирязевская ул., 42; ²ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева,
Россия, Москва, 127550 Тимирязевская ул., 49
* *irbis-sibri@ya.ru*

Тритикале с каждым десятилетием занимает всё большие площади по всему миру, при этом зерно этой культуры находит самое разнообразное применение от кормового до производства биотоплива. Однако требуется дальнейшее селекционно-генетическое улучшение тритикале, что позволит расширить арсенал генов хозяйственно-ценных признаков и получить новые более совершенные формы. Одним из таких признаков яровой тритикале, нуждающихся в улучшении, является склонность к полеганию и позднеспелость. Среди генов низкостебельности сильным эффектом обладает ген ржи *Ddw1*, перенесенный в геном озимой тритикале, но не встречающийся в яровой [1]. Поведение генов пшеницы и ржи в геноме тритикале, отвечающих за высоту растения и темпы его развития, требует тщательного изучения, так как к их независимому проявлению добавляется эффекты их взаимодействия.

Целью нашего исследования состояла в определении эффектов гена ржи *Ddw1* и аллелей генов яровизации пшеницы *Vrn-A1a/Vrn-A1b* на высоту растений яровой тритикале, темпы развития и другие хозяйствственно-ценные признаки. Объектом исследования служила популяция *F₃* Хонгор (*Ddw1 Vrn-A1b*)×Дублет (*ddw1 Vrn-A1a*), выращенная в 2017 году на Полевой опытной станции РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева. Семьи генотипировались с помощью ПЦР-маркеров [2, 3], фиксировались фазы цветения и колошения, измерялась высота растений и элементы структуры урожая.

В среднем по популяции присутствие *Ddw1* снижало высоту растений на 33.3 см (28%), присутствие *Vrn-A1b* дополнительно снижало высоту растений и количество междуузлий. При этом присутствие *Vrn-A1b* на фоне *Ddw1* снижает длину колоса на 0,8 см (7%), число колосков на 2 шт. (8%) и продуктивную кустистость на 1,0 (45%) по сравнению с *Vrn-A1a*. *Ddw1* в присутствии как *Vrn-A1a* увеличивало плотность колоса на 6%, а в присутствии *Vrn-A1b* – на 7%. Растения с *Ddw1* имели значимо меньшую массу зерна с главного колоса в среднем по популяции на 0.7 г (19%), чем без него и в среднем цветли и колосились на неделю позже, чем без гена; наличие *Vrn-A1b* ускоряло наступление цветения и колошения.

Таким образом, в целом *Ddw1* снижал высоту растений, негативно сказываясь на массе зерна с колоса и удлиняя период до цветения и колошения. Аллель *Vrn-A1b*, напротив, ускоряет цветение и колошение, однако, видимо, не давая достаточно времени сформироваться генеративным органам, так как в целом также негативно влияет на продуктивность растения во взаимодействии с *Ddw1*.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РНФ № 17-76-20023.

- [1]. Korshunova A. D., Divashuk M. G., Soloviev A. A., Karlov G. I. Analysis of Wheat and Rye Semidwarfing Gene Distribution in Spring Hexaploid Triticale (*Triticosecale Wittm.*) Cultivars and Breeding Lines. // 2015, Russian Journal of Genetics, 51(3), P. 272–277.
- [2]. Коршунова А.Д., Дивашук М.Г., Даебль И.А.М.А., Карлов Г.И.. Соловьёв А.А. Валидация ДНК-маркеров генов короткостебельности у тритикале (*Triticosecale Wittm.*) // 2014, Известия ТСХА, 3, с. 21-31.
- [3]. Черноок А.Г., Дивашук М.Г. Разработка CAPS маркера, ассоцииированного с геном короткостебельности *Ddw1* // 2018 Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии. Сборник тезисов XVIII Всероссийской конференции молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева, с. 129-130.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СИНТЕТИЧЕСКИХ ГЕКСАПЛОИДОВ С ГЕНОМОМ *Ae. TAUSCHII* (AABBDD) И СОРТОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Шаманин В.П.^{1*}, Потоцкая И.В.¹, Шепелев С.С.¹,
Пожерукова В.Е.¹, Трушченко А.Ю.¹, Чурсин А.С.¹, Моргунов А.И.²

¹ФГБОУ ВО Омский ГАУ, Россия, Омск, 644008, Институтская пл., 1; ²Представительство
СИММИТ в Турции, Турция, Анкара, 06511, Р.К. 39

* vp.shamanin@omgau.org

Расширение генетического разнообразия пшеницы составляет основу для повышения устойчивости растений к неблагоприятным факторам среды и увеличения урожайности сортов, которое может быть достигнуто за счет привлечения в гибридизацию всего разнообразия генетических ресурсов близкородственных видов и родов. Омским ГАУ при сотрудничестве с CIMMYT в университете Nebraska-Lincoln (США) проведено генотипирование образцов из коллекционного питомника Омон-ГАИ, включающего линии синтетической гексапloidной пшеницы, полученных на основе разнообразного материала твердой пшеницы и образцов *Ae. tauschii* селекции CIMMYT и японского университета Киото (52 образца)[1], сортов мягкой пшеницы из России, Казахстана, США и Канады (91 образец). Идентификация SNP (single nucleotide polymorphism) проводилась с использованием программы TASSEL (v. 5.2.40), GBS (v. 2 Pipeline) и физической карты референсного генома пшеницы от International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC, RefSeq, v1.0). Анализ структуры популяции образцов питомника Омон-ГАИ позволил выделить 4 группы. Первая группа включала 13 образцов японских синтетиков, вторая группа – 30 образцов синтетиков CIMMYT, третья – представляла сорта из США и Канады, причем четыре из них оказались в четвертой группе, состоящей из 77 образцов Казахстана и России. Группы 1 и 2 четко отличались друг от друга и от двух остальных групп, в то время как образцы США/Канада и образцы Россия/Казахстан в значительной степени имели нечто общее, несмотря на их различное географическое происхождение. Анализ молекулярной изменчивости показал, что 27,7% вариабельности наблюдалось между четырьмя группами, в то время как 72,3% изменчивости объяснялось вариацией внутри групп. Статистические показатели генетической структуры популяции Омон-ГАИ показали, что эффективное число аллелей было наивысшим у синтетиков CIMMYT (1,48) и самым низким – у синтетиков Японии (1,25). Эффективное число аллелей и наблюдаемая гетерозиготность (H_o) синтетической пшеницы были несколько выше, чем у сортов России, Казахстана и США. По генетическому разнообразию генов (H_s) синтетики существенно превышали сорта мягкой пшеницы: $H_s=0,313$ в сравнении с $H_s=0,235$ у сортов. Таким образом, генетическое разнообразие синтетиков было на 33,2% выше, чем у образцов мягкой пшеницы [2]. Результаты исследования свидетельствуют о значительной селекционной ценности синтетических гексапloidов для расширения генотипического потенциала мягкой пшеницы.

[1]. Morgounov A., Abugalieva A., Akan K., Akın B., Baenziger S., Bhatta M. et al. High-yielding winter synthetic hexaploid wheats resistant to multiple diseases and pests // 2017, Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization, V.16(3), P.273-278.

[2]. Bhatta M., Morgounov A., Belamkar V., Poland J., Baenziger S. Unlocking the novel genetic diversity and population structure of synthetic Hexaploid wheat // 2018, BMC Genomics, V.19(1), P.591.

Благодарности: данная работа выполнена при финансовой поддержке РНФ (проект № 16-16-10005).

ИССЛЕДОВАНИЕ ЧАСТИЧНОГО АЛЬБИНИЗМА ЯЧМЕНЯ С ПОЗИЦИИ ТРАНСКРИПТОМИКИ

Шмаков Н. А.¹, *, Глаголева А.Ю.¹, Афонников Д.А.¹, Хлёсткина Е.К.²

¹Институт Цитологии и Генетики СО РАН, РФ, Новосибирск пр. Лаврентьева, 10;

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), С-Петербург, Россия, ул. Большая Морская, 42-44

* shmakov@bionet.nsc.ru

Хлорофилл – растительный пигмент, участвующий в фотосинтезе. Отсутствие хлорофилла в клетках растения приводит к преждевременной гибели организма. Однако отмечены случаи частичного альбинизма, при котором растение может достичь репродуктивного возраста и оставить потомство. Изучение таких растений может пролить свет на особенности синтеза и распределения хлорофилла и функционирования хлоропластов. Перспективным объектом для изучения таких процессов является линия ячменя *i:BwAlm*, отличающаяся частичным альбинизмом.

Транскриптом – совокупность всех транскриптов биологического образца. Исследования транскриптома дают сведения об экспрессии генов в масштабе всего генома. RNA-seq – наиболее производительный метод исследования транскриптома. В данной работе метод RNA-seq был использован для секвенирования транскриптомов линии ячменя *i:BwAlm* и контрольной линии Bowman.

Сравнение транскриптомов двух линий выявило различия в экспрессии ряда генов, включая гены, локализованные в геноме хлоропласта. Были выявлены метаболические пути, включающие гены с разницей в экспрессии между двумя линиями. *De novo* сборка транскриптома позволила предсказать существование ранее не аннотированных генов ячменя, включая гены устойчивости к листовой ржавчине.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке гранта РНФ № 18-14-00293

СОЗДАНИЕ, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ И ФЕНОТИПИРОВАНИЕ КОЛЛЕКЦИИ ИНТРОГРЕССИРОВАННЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ВЫСОКИМ СОДЕРЖАНИЕМ КЛЕЙКОВИНЫ В ЗЕРНЕ

Щукина Л.В.^{1,*}, Симонов А.В.¹, Пшеничникова Т.А.¹, Шаманин В.П.²

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, Проспект Лаврентьева, 10, 630090 Новосибирск, Россия; ²Омский государственный аграрный университет имени Столыпина П.А., Институтская площадь, 1, 644008, Омск, Россия

* quality@bionet.nsc.ru

Создание высокоурожайных и высококачественных сортов является одной из основных задач и для современной селекции пшеницы. Содержание белка и клейковины в зерне является важным параметром, определяющим класс и технологическое назначение выращенного зерна. Генофонд дикорастущих сородичей используется для передачи генов устойчивости к болезням, а также является источником генов устойчивости к абиотическим стрессам. Вместе с тем показано, что интродукции могут быть источником генов повышения качества зерна [1]. Нами были выделены линии мягкой пшеницы с высоким содержанием клейковины в зерне, которые несли множественные интродукции от *Ae. speloides*, *Ae. markgrafii*, *T. timopheevii* и синтетической пшеницы R-93 (AABBDD). Целью данной работы было создать коллекцию генотипов, несущих отдельные интродукции от сородичей мягкой пшеницы, генотипировать эти интродукции и показать их связи с содержанием сырой клейковины в зерне, параметрами качества зерна и структурой урожая. Хромосомы 2A, 2B и 5B от указанных видов были перенесены в генетический фон сорта Саратовская 29 (C29) с использованием моносомных линий. Сорт сохраняет высокое качество зерна при различных условиях среды. Корректность замещения хромосомы от доноров контролировалась с помощью цитологического анализа, а также микросателлитными маркерами. Введение хромосомы, несущей интродукцию, повышало содержание клейковины зерна в полученных линиях по сравнению с C29. Увеличение наблюдалось, как в полевых условиях выращивания (на 3% и более), так и в искусственно-созданных условиях при различных режимах полива (на 5% и более). По физическим свойствам теста, замещенные линии по хромосоме 2A и 5B с интродукциями от *T. timopheevii* и *Ae. speloides*, соответственно, были в пределах сорта C29, и характеризовались как «сильные» пшеницы. Те же параметры у линии с интродукцией в хромосому 5B от Синтетика R-93 в условиях низкого агрофона были снижены. По компонентам структуры урожая линии показывали различные данные в различных условиях. Созданные линии могут служить донорами генов высокого содержания клейковины в зерне в селекции.

[1] Pshenichnikova T.A., Simonov A.V., Shchukina L.V., Morozova E.V., Chistyakova A.K., Börner A. Chapter 32. Enlargement of the genetic diversity for grain quality in bread wheat through alien introgression. // Y Ogihara et al. (eds.) Advances in wheat genetics: from genome to field. 2015, P.287-292.

Благодарности: Данная работа была выполнена при поддержке бюджетного проекта #324-2018-0259.

АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ В ПЛОДАХ ПЕРЦА И ЗЕРНЕ ПШЕНИЦЫ, ОБЛАДАЮЩИХ РАЗЛИЧНОЙ ПИГМЕНТАЦИЕЙ

Юдина Р.С.*, Захарова О.В., Гордеева Е.И.

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, Новосибирск, пр. ак. Лавреньева, 10

* yurs@bionet.nsc.ru

Основные пигменты, окрашивающие плоды и зерно, относятся к флавоноидным и каротиноидным соединениям. Первые шире всего представлены антоцианами, придающими розовую, голубую, фиолетовую (почти до черной) окраску и танинами, обеспечивающими краснокоричневый цвет семян. И те, и другие соединения являются мощными природными антиоксидантами и могут оказывать положительное влияние на здоровье. В настоящей работе проведена оценка антиоксидантной активности экстрактов плодов перца и зерна пшеницы (из коллекции ГенАгроИЦиГ СО РАН), различающихся по окраске. Растения выращивались в теплице ИЦиГ СО РАН. Для получения информации о содержании фракции антиоксидантов, которые могут быть усвоены с пищей, экстракцию проводили с соответствующим моделированием условий: к 1 г измельченного образца добавляли 10 мл 1% водного раствора HCl и инкубации в течение часа при 37°C. Оценку антиоксидантной активности проводили с использованием анализатора антиоксидантной активности Близар (Интерлаб, Россия) согласно инструкции производителя. В качестве стандартного вещества использовали галловую кислоту (мг/л).

Среди 10 изученных сортов перца наиболее высокой антиоксидантной активностью обладали фиолетово-красные плоды, содержащие и антоцианы, и каротиноиды. Наиболее выделялся сорт Сибирский экспресс (содержание антиоксидантов составило 1,46 мкг/г (стандарт - галловая кислота). Далее следовали плоды, не содержащие антоцианов: на втором месте были красноплодные перцы (за исключением сорта Бегемот), на третьем – желтоплодные; наименьшим количеством антиоксидантов отличались зеленые плоды перца и сорт Бегемот. У пшеницы сравнивали зерно с окраской двух типов: (1) с проантоцианидиновой пигментацией оболочек зерна и неокрашенным перикарпом; (2) с проантоцианидиновой пигментацией оболочек зерна и перикарпом, окрашенным антоцианами. И то и другое зерно отличалось одинаково высоким уровнем антиоксидантной активности (содержание антиоксидантов в среднем составило 0,4-0,5 мкг/г). Таким образом, вклад антоцианов на фоне вклада других пигментов в антиоксидантную активность проявлялся у перца и пшеницы по-разному.

ASSESSMENT OF THE PHENOTYPIC AND GENETIC DIVERSITY OF DURUM WHEAT COLLECTION (*TRITICUM DURUM DESF.*)

Anuarbek S.^{1,2}, Abugalieva S.^{1,2,*}, Tuberosa R.³, Turuspekov Y.^{1,2}

¹ Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan; ² Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan; ³ University of Bologna, Bologna, Italy
* *absaule@yahoo.com*

Durum wheat (*Triticum durum Desf.*) is an important crop both in the world and in Kazakhstan. Durum wheat is used as a valuable raw material in bakery and pasta production. Success in breeding projects for improvement of the durum wheat is largely depend on usage of germplasm with a wide genetic background. To meet this requirement a collection of durum wheat consisting from 350 accessions from Kazakhstan and Europe was developed based on collaboration with the University of Bologna, Italy. The collection was successfully tested in two distant environments – South-east and North of Kazakhstan. Morphological variation of the collection was recorded by using 10 agronomic traits, including flowering time, seed maturation time, plant height, number of kernels per plant, thousand kernels weight, and yield per square meters. The data is under processing for genome-wide association study by using 16K SNP genotyping data from Illumina array.

Effective breeding strategies require knowledge of the genetic diversity level of cultivars. Therefore, in a separate study, polymorphism of the twenty-nine local durum cultivars was analyzed using 7 microsatellite markers. The total number of alleles was 20 and the effective allele number was an average of 2.8. The average polymorphic information content (PIC) value was 0.3658 and ranged from 0.1267 in Xgwm219 to 0.5457 in Xgwm247. The genetic diversity indices of Shannon and Nei were equal to 0.7174, 0.4243, respectively. The level of genetic diversity was relatively high. The genetic distance between cultivars was calculated. Also, with the help of microsatellite markers, a cluster analysis of the studied cultivars was conducted. The results of the study make it possible to assess the level of genetic polymorphism in the studied cultivars and indicate that the used markers are informative. Polymorphic markers were selected for the following studies on the durum genetic diversity. The obtained information will be used in breeding programs aimed at increasing yield and adaptability of durum wheat.

Acknowledgements: This work was supported by project AP05131328 granted by the Ministry of Education and Sciences of the Republic of Kazakhstan.

GENE CLONING WITHIN *TRITICUM MILITINAЕ* REGION INTRORESSED IN TO LARGE AND COMPLEX GENOME OF WHEAT

Eva Janáková¹, Irena Jakobson², Hilma Peusha², Michael Abrouk¹, Monika Škopová^{1*}, Ljudmilla Timofejeva², Hana Šimková¹, Jan Šafář¹, Jan Vrána¹, Jaroslav Doležel¹, Kadri Järve², Miroslav Valárik¹

¹Institute of Experimental Botany, Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Šlechtitelů 31, Olomouc, CZ- 78371, Czech Republic; ²Department of Gene Technology, Tallinn, Estonia; *Present address: Limagrain Central Europe Cereals, s.r.o., Hrubčice 111, 79821 Bedihošť, Czech Republic
* valarik@ueb.cas.cz

Increasing of genepool variability using secondary and tertiary genepools is an attractive way how to overcome limitation of narrowed bread wheat genepool due to intensive breeding. Such introgressions are usually accompanied by recombination inhibition which limits high-density mapping and gene cloning. Recent introgression of *T. militinae* segment of 7G chromosome into 4AL chromosome of bread wheat cv. Tähti confers improved race nonspecific resistance to powdery mildew in both seedling and adult plant stages. The resistance locus *QPm-tut.4A* was located in the distal part of the chromosome between markers *owm82* and *Xgwm160*. In an attempt to clone the *QPm-tut.4A* gene several genomic resource were developed to facilitate the gene cloning. In the 1600 lines of mapping population derived from cross of cv. Tähti and the introgressive line 8.1 no recombination was detected in the locus. On the other hand, screening of 8425 lines derived from the cross of the line 8.1 and cv. Chinese Spring yielded 30 lines with recombination in the locus and allowed to delimit the *QPm-tut.4A* locus to 0.012 cM. Moreover, screening of 1225 lines of mapping population from the same cross but with *ph1b* in homozygous stage yielded additional 155 recombinations in the *owm82 - Xgwm160* region. Four of them were within the 0.012 cM *QPm-tut.4A* locus. A 26 BAC clones form the 4AL chromosome specific BAC library constructed from chromosome arm with the introgression bypassed the *QPm-tut.4A* locus. Their sequences delimited the region in *T. militinae* to 480 kbp in contrast to the 640 kbp in cv. Chinese Spring. Annotation revealed 12 candidate genes from which only four are syntenic between the parental lines. The candidates will be validated using TILLING population in which 2200 lines seven were identified as susceptible. This work was supported by Czech Republic Ministry of Education, Youth and Sports (Award LO1204 from the National Program of Sustainability I), by the Czech Science Foundation (Award 18-11688S), the Czech Republic Ministry of Agriculture (Award QK1710302) and by an IUT 193 Grant from the Estonian Ministry of Education and Research..

ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF BARLEY LANDRACES MAINTAINED IN THE VAVILOV INSTITUTE OF PLANT GENETIC RESOURCES (VIR) IN THE WORLD SCALE

Grigoreva E.^{1,*}, Kale S.², Stein N.², Kovaleva O.¹, Loskutov I.¹, Potokina E.¹

¹ *N. I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Russia, Saint-Petersburg, Bolshaya Morskaya 42, 190000;* ² *Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Germany, Gatersleben Corrensstraße 3, 06466*

* *Grigoriewa.liz@yandex.ru*

The Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR) maintains a large barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm collection comprising more than 20,000 accessions from 24 different species. For the accessions “passport” data describing geographical origin, taxonomic status and some phenotypic characters are available. No attempt has yet been made to assess the genetic diversity of the collection with the large number of environmentally neutral, easily scorable molecular markers such as single nucleotide polymorphism (SNP). With the modern technology of Genotyping-by-Sequencing (GBS) available there is a good opportunity to evaluate the genetic diversity of the VIR barley collection for use in crop improvement programs.

In the frame of the collaboration between VIR and Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) 501 barley landraces and local cultivars from the VIR collection were assessed using high throughput GBS technique. The 501 barley accessions originated from 46 countries and were randomly selected for the analysis based on their diverse phenotypic traits. Two individuals from each accessions were genotyped. Reference based variant discovery pipeline identified 76,501 SNPs out of which 23,733 SNPs with <=10% missing data were selected for downstream study.

The yielded SNP data were compared with those of the ‘Bridge’ project combining genotyping data of 22,626 barley DNA samples from the National Crop Genebank of China (NCGC), the Institute of Crop Sciences of the Swiss National Genebank of Agroscope and the IPK barley germplasm collection. The results of GBS approach performed allowed to compare the genetic diversity of the barley landraces maintained at VIR with the barley germplasm diversity preserved at world gene banks.

OPPORTUNITIES FROM CROP GENOME EDITING

Lawrenson T., Hayta S., Smedley M., Hundleby P., Harwood W.*

John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, NR4 7UH, UK

* *wendy.harwood@jic.ac.uk*

Genome editing using RNA-guided Cas9 (CRISPR/Cas9) is revolutionizing crop research and has great potential for use in crop improvement. This technology provides, for the first time, the ability to make changes at a precise location in the plant genome. The main use of the technology to date is in the creation of mutations in target genes to knock-out their function. We first demonstrated targeted gene knock-outs in barley and *Brassica* [1], [2] and have now created large numbers of gene knock-outs in these crops. In wheat, we have used CRISPR/Cas9 to create precise deletions and have explored the use of base editing technologies. In addition, we have recently demonstrated successful gene targeting or ‘knock-in’ in barley. Specific examples of the use of these genome editing technologies in different research projects will be described. Future opportunities arising from advances in genomes editing technologies will be discussed together with the challenges faced in regulating this new technology.

[1] Lawrenson T, Shorinola O, Stacey N, Liu C, Østergaard L, Patron N, Uauy C, Harwood, W. (2015) Induction of targeted, heritable mutations in barley and *Brassica oleracea* using RNA-guided Cas9 nuclease. *Genome Biology* 16: 258.

[2] Lawrenson, T., Harwood W.A., (2018) Creating Targeted Gene Knock-outs in Barley using CRISPR/Cas9, in Barley: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology Volume 1900.

ASSAYING THE QUANTITATIVE PCR FOR THE CHARACTERIZATION OF WINTER WHEAT VARIETIES TO FUNGAL GRAIN INFECTION

Orina A.S.^{1,*}, Gagkaeva T.Yu.¹, Gavrilova O.P.¹, Ablova I.B.², Bespalova L.A.²

¹All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), Russia, St-Petersburg-Pushkin; ²National Center of Grain named after P.P. Lukyanenko, Krasnodar, Russia

*: orina-alex@yandex.ru

The seed-borne infection directly affects the quality of the grain. Fusarium head blight (FHB) is one of the most destructive diseases of wheat in the south European part of Russia. The breeding of wheat varieties to FHB resistance is actively performed in the Krasnodar region.

In our study 17 winter wheat varieties were grown in the Krasnodar region under the natural infections. TaqMan and SYBR Green real-time PCR was used for quantification of DNA of dominant fungi in the complex infection of harvested grain – *Alternaria*, *Microdochium* and *Fusarium* fungi. The fungal DNA content was represented as a proportion of the wheat DNA content (pg/ng).

Abundant presence of *Alternaria* fungi was detected in range 1.5–4.0 pg/ng without a significant difference between the varieties. A quantitative detection of the *Microdochium* revealed that the content of *M. nivale* DNA (0.06–0.93 pg/ng) was on average 3 times higher than the content of *M. majus* DNA (0.04–0.20 pg/ng). A high amount of DNA of the trichothecene producing *Fusarium* (Tri-*Fusarium*) was found in the grain of the varieties in range 0.14–0.42 pg/ng. Additionally, the DNA content of the most aggressive pathogen *F. graminearum* was assessed, and its value varied significantly from 0.01–0.43 pg/ng.

The proportion of *F. graminearum* DNA as a percentage of the DNA of Tri-*Fusarium* fungi ranged from 6.1% to 100.9%. This value can be used as the characteristic of plant resistance to FHB. According to our observations, value above 30% means the susceptibility of varieties to fungal infection, and the smaller proportion of DNA is inherent for varieties that are more resistant to fungal disease. Consequently, all the analyzed varieties were distributed into three groups. The first group of varieties with a low ratio of *F. graminearum* DNA in Tri-*Fusarium* fungi (no more than 10%) consisted of Adel, Tanya, Lebed', Kurs, Gurt and Yuka varieties that can be classified as the relative resistant.

The investigation was supported by the Russian Science Foundation (No. 14-26-00067).

SOURCES OF THE HIGH MOLECULAR WEIGHT GLUTENIN SUBUNIT ALLELES RELATED TO GOOD BREAD-MAKING QUALITY IN EUROPEAN SPRING AND WINTER WHEAT CULTIVARS

Tikhonova M.A.*, Ingver A., Koppel R.

Estonian Crop Research Institute , Estonia, Jõgeva, J. Aamisepa, 1

* marina.tikhonova@etki.ee

Bread-making quality is important trait for wheat breeding programs. Numerous studies have demonstrated that high molecular weight glutenin subunits (HMW-GS) of wheat grain storage proteins, which are components of gluten, play a major role in the determination of wheat bread-making properties and variably affect dough and end product quality. HMW glutenins are encoded by genes at the *Glu-1* loci of the genomes A, B, and D.

In this study, 67 old and modern European bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars (36 spring and 31 winter) from Estonian Crop Research Institute genetic collection were screened by 14 PCR markers for the presence of the alleles positively associated with bread-making quality and having higher (3-4) Payne index (*Glu-1* quality score) [1]: subunits (alleles) Ax1 (*a*) or Ax2* (*b*) controlled by the locus *Glu-A1*; Bx7+By8 (*b*), Bx14+By15 (*h*), Bx13+By16 (*f*) at *Glu-B1* locus; and Dx5+Dy10 (*d*) controlled by the locus *Glu-D1*. The presence of 1BL.1RS rye translocation, which has been associated to low quality [2], was also detected with DNA marker.

Twenty nine spring and sixteen winter wheat genotypes tested positive for the *Glu-A1a* (1) and *Glu-A1b* (2*) alleles and negative for *Glu-A1c* (null). Fifteen spring and five winter wheat genotypes carry exclusively alleles *b* (7+8), *f* (13+16) or *h* (14+15) at *Glu-B1* locus. Twenty seven spring and twenty five winter wheat cultivars were identified as the donors of the allele *Glu-D1d* (5+10). Translocation 1BL.1RS was revealed in spring wheat cultivar Hamlet.

Spring wheat cultivars Bombona, Hiie, Kruunu, Mahti, Manu, Runar, Specifik, SW Kadrilj and winter wheat Hanno combine alleles with high quality score at all three *Glu-1* loci in their genotypes. Most of the investigated cultivars demonstrate high yield and diseases resistance and can be recommended as parents in breeding programmes for improving of wheat bread-making quality.

[1]. Payne P.I. et al., The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of british-grown wheat varieties. // 1987, J. Sci. Food Agric., V.40, P.51-65.

[2]. Kumlay A.M. et al., Understanding the effect of rye chromatin in bread wheat. // 2003, Publications from USDA-ARS / UNL Faculty. 906.

Приложение Supplement



Программный и организационный комитеты конференции
Program and organizing committees of the conference

Международный программный комитет:

1. Проф. РАН Е.К. Хлесткина, врио директора ВИР, Россия – со-председатель
2. Peter Langridge, University Adelaide, Speaker the Wheat Initiative, Австралия – со-председатель
3. Проф. И.Г. Лоскутов, ВИР, Россия – со-председатель
4. Академик РАН Л.А. Беспалова, Национальный центр зерна имени П.П.Лукьяненко, Россия
5. Академик РАН О.С. Афанасенко, ВИЗР, Россия
6. Andreas Borner, IPK, Vice President EUCARPIA, Германия
7. Frank Ordon, JKI, Германия
8. Viktor Korzun, KWS SAAT SE, Германия
9. Hans Braun, Global Wheat Programm, CIMMYT Мексика
10. Luigi Cativelli, CREA, Италия
11. Thomas Miedaner, University of Hohenheim, Германия
12. Etienne Paux, Genetics, INRA, Clermont-Ferrand, Франция
13. Conxita Royo – Lleida, Испания
14. Mark Sorrells, Cornell University, США
15. Yerlan Turuspekov, Казахстан
16. Xueyong Zhang, Chinese Academy of Agricultural Science, Китай
17. Др. Е.В. Зуев, ВИР, Россия
18. Др. А. Заварзин, ВИР, Россия (секретарь)

International program committee:

1. Elena Khlestkina, VIR director, Russia – co-chair
2. Peter Langridge, University Adelaide, Australia, Speaker the Wheat Initiative – co-chair
3. Igor Loskutov, VIR, Russia – co-chair
4. Acad. Lyudmila Bespalova, National grain centre, Russia
5. Acad. Olga Afanasenko, VIZR, Russia
6. Andreas Börner, IPK, Germany, Vice President EUCARPIA
7. Frank Ordon, JKI, Germany
8. Viktor Korzun, KWS SAAT SE, Germany
9. Hans Braun, Global Wheat Programm, CIMMYT Mexico
10. Luigi Cativelli, CREA, Italy
11. Thomas Miedaner, University of Hohenheim, Germany
12. Etienne Paux, Genetics, INRA, Clermont-Ferrand, France
13. Conxita Royo – Lleida, Spain
14. Mark Sorrells, Cornell University, USA
15. Dr. Erlan Turuspekov, Kazakhstan
16. Xueyong Zhang, Chinese Academy of Agricultural Science, China
17. Eugeny Zuev, VIR, Russia
18. Aleksei Zavarzin, VIR, Russia (secretary)

Локальный организационный комитет:

1. Профессор И.Г. Лоскутов, ВИР, Россия – председатель
2. Профессор О.П. Митрофанова, ВИР, Россия
3. А.А. Заварзин, ВИР, Россия
4. Е.В. Зуев, ВИР, Россия
5. О.А. Ляпунова, ВИР, Россия
6. С.Р. Мицхахова, ВИР, Россия
7. К.В. Стрыгина, ВИР, Россия
8. А.А. Гнучиков, ВИР, Россия
9. А.А. Леншин, ВИР, Россия

Local organizing committee

1. Igor Loskutov, VIR, Russia – chair
2. Aleksei Zavarzin, VIR deputy director, Russia
3. Olga Mitrofanova, VIR, Russia
4. Eugeny Zuev, VIR, Russia
5. Olga Lyapunova, VIR, Russia
6. Snezhana Miftakhova, VIR, Russia
7. Ksenia Strygina, VIR, Russia
8. Aleksander Gnutikov, VIR, Russia
9. Aleksander Lenshin, VIR, Russia

**Программа конференции «Хлеба будущего: геномика, генетика, селекция» в
честь 125 летия ВИР**

**Program of Conference “Breads of the future: genomics, genetics, breeding”
conference devoted to 125 years of VIR**

	Научная программа	Scientific Programme
	20.06.2019, Четверг	20.06.2019, Thursday
9:00	Открытие и пленарная сессия конференции Председатели: Е.К. Хлесткина, P.Langridge, И.Г. Лоскутов, А. Börner, Л.А. Беспалова	Opening and Conference plenary session Chairs: Elena Khlestkina, Peter Langridge, Igor Loskutov, Andreas Börner, Lyudmila Bespalova
9:00-9:05	Проф. Peter Langridge (Австралия) – приветствие от Международного организационного комитета	Prof. Peter Langridge (Australia): welcome from International organizing committee.
9:05-9:25	Проф. Е.К. Хлесткина (ВИР, Россия) - вступительное слово «125 лет работы ВИР по развитию исследований зерновых»	Prof. Elena Khlestkina (VIR, Russia): introduction “125 years of VIR fostering small grains research”
9:25-9:55	Академик РАН Л.А. Беспалова (Национальный центр зерна, Россия) - Пленарный доклад Конференции <i>Индустриальная селекция пшеницы: результаты и перспективы</i>	Prof., Acad. Lyudmila Bespalova (National grain centre, Russia): Conference plenary talk: <i>Industrial wheat breeding: results and prospects</i>
9:55-10:00	Перерыв	Break
	Сессия I. Изучение и использование генетических ресурсов Председатели: Peter Langridge, Andreas Börner	Session I. Evaluation and use of genetic resources Chairs: Peter Langridge, Andreas Börner
10:00-10.25	Приглашенный доклад: проф. Andreas Graner (IPK, Германия) - <i>Генетические ресурсы растений: от сохранения до инноваций.</i>	Keynote speaker: Prof. Andreas Graner (IPK, Germany) - <i>Plant Genomic Resources: from Conservation to Innovation</i>
10.25-10.40	Проф. И.Г. Лоскутов (ВИР, Россия) - <i>Новые подходы к изучению генетических ресурсов зерновых культур</i>	Prof. Igor Loskutov (VIR, Russia) - <i>New approach to assessment of genetic resources of small grains</i>
10.40-10.55	Проф. Avraham Levy (Институт Вейцмана, Израиль) - <i>Пространственная и временная адаптация популяций дикой пшеницы к изменениям климата - пример для сохранения in situ</i>	Prof. Avraham Levy (Weizman Inst., Israel) - <i>Spatial and temporal adaptation of a wild emmer wheat population under climate change – a case study for in situ conservation</i>
10.55-11.10	Проф. Conxita Royo (IRTA, Испания) – <i>Новое понимание адаптации староместных сортов твердой пшеницы в результате ее миграции по Средиземноморскому бассейну</i>	Prof. Conxita Royo (IRTA, Spain) – <i>New insights on the adaptation of old durum wheat resulting from its migration across the Mediterranean Basin</i>
11:10-11:15	Перерыв	Break
	Сессия II. Геномика Председатели: Peter Langridge, Andreas Börner	Session II. Genomics Chairs: Peter Langridge, Andreas Börner
11.15-11.40	Приглашенный доклад: Проф. Nils Stein (IPK, Германия) – <i>В духе Вавилова –</i>	Keynote speaker: Prof. Nils Stein (IPK, Germany) - <i>In the spirit of Vavilov – providing</i>

	<i>геномный контекст мировых коллекций пшеницы и ячменя</i>	<i>the genomic context of global diversity collections of wheat and barley</i>
11.40-11.55	Проф. Luigi Cattivelli (CREA - Италия): <i>Геном твердых пшениц свидетельствует в пользу 10 000 лет селекции</i>	Prof. Luigi Cattivelli (CREA - Italy): <i>Durum wheat genome reveals the signature of 10,000 years of selection</i>
12.00-12.30	Перерыв на кофе	Coffee and posters
	Пленарные доклады Конгресса	Congress plenary talks
12.30-13.00	Д-р. Andreas Börner: Коллекции генбанков - генетическая основа селекции и исследования растений	Dr. Andreas Börner: <i>Genebank collections - the genetic basis for plant breeding and research</i>
13.00-13.30	Проф. Peter Langridge <i>Глобальные перспективы исследований мягкой пшеницы</i>	Prof. Peter Langridge <i>Global vision for bread wheat research</i>
13:30-14.00	Акад. РАН В.М. Говорун <i>Бактерии с редуцированным геномом: раскрываем тайны контроля экспрессии генов</i>	Prof. Vadim M. Govorun <i>Unraveling gene expression control in genome-reduced bacteria. The rally goes on...</i>
14.00-14.30	Акад. РАН Е.К. Гинтер <i>Вклад генетики в медицину</i>	Prof. Evgeny K. Ginter <i>Contribution of genetics to the medicine</i>
14.30-15.30	Обед	Lunch
	Сессия III. Потенциал урожайности и эффективное использование генетических ресурсов Председатели: Е.В. Зуев, Е.К. Туруспеков	Session III. Yield potential and efficient use of genetic resources Chairs: Evgeny Zuev, Yerlan Turuspekov
15:30-15:55	Приглашенный доклад: Д-р. Jacques Le Gouis (INRA-CF, Франция) <i>Подбор и описание панели озимой пшеницы, характеризующей ее разнообразие</i>	Keynote speaker:- Dr. Jacques Le Gouis (INRA-CF, France): <i>Selection and characterization of a winter wheat diversity panel</i>
15:55-16:10	Д-р. Kerstin Neumann (IPK - Германия): <i>Неинвазивное фенотипирование злаковых растений выявляет как локусы, определяющие биомассу в зависимости от стресса, так и независимо от него</i>	Dr. Kerstin Neumann (IPK - Germany): <i>Non-invasive phenotyping reveals stress-adaptive and constitutive biomass QTL in cereals</i>
16:10-16:25	к.б.н. Т.А. Пшеничникова (ИЦИГ СО РАН, Россия): <i>Чужеродные интродукции у мягкой пшеницы: расширение генетического разнообразия и использование для генетических исследований экономически важных признаков</i>	Dr. Tatjana Pshenichnikova (ICG, Russia): <i>Alien introgressions in bread wheat: enlargement of genetic diversity and utilization for genetic studies of economically important traits</i>
16:25-16:35	Перерыв	Break
	Сессия IV. Улучшение устойчивости к факторам биотического и абиотического стресса Председатели: Е.В. Зуев, Е.К. Туруспеков	Session IV. Improving of resistance to biotic and abiotic stress Chairs: Evgeny Zuev, Yerlan Turuspekov
16:35-17:00	Приглашенный доклад: Проф. Frank Ordon (JKI, Германия) - <i>Селекция на устойчивость - краеугольный камень будущего производства зерновых</i>	Keynote speaker: Prof. Frank Ordon (JKI, Germany): <i>Breeding for resistance - cornerstone of future cereal production</i>
17:00-17:15	Проф. Beat Keller (Университет Цюриха, Швейцария): <i>Молекулярный анализ функции и разнообразия устойчивости пшеницы к болезням в (пан-)геномную эру</i>	Prof. Beat Keller (University of Zurich, Swiss): <i>Molecular analysis of function and diversity of wheat disease resistance in the age of (pan-) genomics</i>

17:15-17:30	Проф. Roberto Tuberosa (Университет Болоньи, Италия): <i>Генетика, клонирование генов и селекция твердой пшеницы</i>	Prof. Roberto Tuberosa (University of Bologna, Italy): <i>Durum Wheat – genetics, gene cloning & breeding</i>
17:30-17:45	Академик РАН О.С. Афанасенко (ВИЗР, Россия) - <i>Генетические ресурсы устойчивости ячменя к гемибиотрофным патогенам</i>	Prof., Acad. Olga Afanaseko (VIZR, Russia) - <i>Genetic resources of barley resistance to hemibiotrophic pathogens</i>
17:45-18:00	Проф. Tzion Fahima , (Университет Хайфы, Израиль) – <i>Открытие нового семейства белков tandemных киназ-псевдокиназ (TKP), играющих роль в иммунитете растений</i>	Prof. Tzion Fahima (University of Haifa, Israel) - <i>The discovery of the tandem kinase-pseudokinase (TKP) protein family involved in plant immunity</i>
18:00-18:15	Подведение итогов первого дня	Concluding remarks for the first day
19:00-22:00	Конференционный ужин и посещение ВИР (по приглашениям)	Conference dinner and visit to VIR (on invitation)
	21.06.2019, Пятница	21.06.2019, Friday
	Пленарные доклады конгресса	Congress plenary talks
10:00-10:30	Проф. Stephen O'Brien <i>The Genome Russia Project – 2019</i>	Prof. Stephen O'Brien <i>The Genome Russia Project – 2019</i>
10:30-11:00	Проф. Eric Meyer <i>Paramecium, a unicellular model for germline-soma differentiation and transgenerational epigenetic inheritance</i>	Prof. Eric Meyer <i>Paramecium, a unicellular model for germline-soma differentiation and transgenerational epigenetic inheritance</i>
11:00-11:30	Акад. РАН А.В. Лисица <i>Протеом человека</i>	Prof. Andrey V. Lisitsa <i>Proteome of a Human: What For?</i>
11:30-12:00	Перерыв на кофе	Coffee and posters
	Краткие выступления молодых ученых Председатели: Beat Keller, Н.П, Гончаров	Elevator Pitch for young scientists Chairs: Beat Keller, Nikolay Goncharov
12:00-12:05	к.б.н. Р.А. Абдуллаев (ВИР, Россия) - <i>Генетическое разнообразие образцов ячменя из Эфиопии по адаптивно важным признакам</i>	Dr Renat Abdullaev (VIR, Russia) - <i>Genetic diversity of Ethiopian barley accessions for adaptive important characters</i>
12:05-12:10	к.б.н. О.П. Гаврилова (ВИЗР, Россия) - <i>Зарожденность грибами и контаминация микотоксинами зерна диких видов Avena из коллекции ВИР</i>	Dr Olga Gavrilova (VIZR, Russia) - <i>The study of fungal infection and mycotoxins in grain of wild Avena species from VIR collection</i>
12:10-12:15	А.Ю. Глаголева (ИЦиГ, Россия) - <i>Выявление генов-кандидатов локуса Blp, контролирующего формирование признака чёрной окраски колоса ячменя (<i>Hordeum vulgare L.</i>)</i>	Anastasia Glagoleva (ICG, Russia) - <i>Identification of the genes-candidates in Blp locus, controlling the black pigmentation of spike in barley (<i>Hordeum vulgare L.</i>)</i>
12:15-12:20	Е.И. Кырова (ВИЗР, Россия) - <i>Проблемы устойчивости злаковых культур к новому бактериальному патогену вида <i>Xanthomonas arboricola</i></i>	Elena Kyrova (VIZR, Russia) - <i>Problems of resistance of cereals to a new bacterial pathogen of the species <i>Xanthomonas arboricola</i></i>
12:20-12:25	к.б.н. Д.Б. Логинова (ИЦиГ, Россия) - <i>Изучение организации профазного ядра у пшенично-ржаных гибридов (ABDR, 4x=28) с различным паттерном мейотического деления</i>	Dr Dina Loginova (ICG, Russia) - <i>Studying the organization of prophase nucleus in wheat-rye hybrids (ABDR, 4X = 28) with different pattern of meiotic division</i>

12:25-12:30	Е.В. Чуманова (ИЦиГ, Россия) - <i>Изучение линий мягкой пшеницы на основе озимого сорта Безостая 1 с комбинацией доминантных аллелей локусов VRN-1</i>	Evgeniya Chumanova (ICG, Russia) - Investigation of common wheat lines of winter cultivar Bezostaya 1 with combinations of dominant alleles of VRN-1 loci
12:30-12:35	Перерыв	Break
	Сессия V. Качество и безопасность зерна всех направлений использования Председатели: Beat Keller, Н.П. Гончаров	Session V. High quality and safe cereals for food, feed and processing use Chairs: Beat Keller, Nikolay Goncharov
12:35-12:50	Д-р. А.И. Абугалиева (КНИИ СХР, Казахстан): <i>Скрининг зерновых культур в поиске и выделении сырья для функционального питания</i>	Dr. Aigul Abugaliева (KSRI APG, Kazakhstan): <i>Screening of grain crops in the search and breeding of raw materials for functional nutrition</i>
12:50-13:05	Проф. А.Ю. Драгович (ИОГен, Россия): <i>Структурная организация генома мягкой пшеницы и сохранения генетического разнообразия вида в процессе селекции на примере генов запасных белков</i>	Prof. Alexandra Dragovich (IGG Russia): <i>Structural organization of the common wheat genome and preservation of species genetic diversity during selection as referred from storage protein genes</i>
13:05-13:20	к.б.н. О.Ю. Шоева (ИЦиГ, Новосибирск) – <i>Исследование молекулярно-генетического контроля признаков пигментации у пшеницы и ячменя, как основа для селекции на повышенное содержание антиоксидантов в зерне</i>	Dr. Olesya Shoeva (ICG, Novosibirsk, Russia) – <i>Study of molecular and genetic control of pigmentation in wheat and barley as a basis for breeding for increased antioxidant content in grain</i>
13:20-13:25	Перерыв	Break
	Сессия VI. Молекулярная и геномная селекция зерновых культур Председатели: Beat Keller, Н.П. Гончаров	Session VI. Molecular Breeding and Genomic selection of small grains Chairs: Beat Keller, Nikolay Goncharov
13:25-13:50	Приглашенный доклад: Проф. Mark Sorrells (Корнельский Университет, США) – <i>Селекция 21 века: молекулярная селекция и высокопроизводительное фенотипирование</i>	Keynote speaker: Prof. Mark Sorrells (Cornell University, USA) – <i>Plant Breeding in the 21st Century: Molecular Breeding and High Throughput Phenotyping</i>
13:50-14:05	Проф. Thomas Miedaner (University of Hohenheim, Германия) – <i>Селекция гибридной ржи (Secale cereale L.) на основе геномики</i>	Prof. Thomas Miedaner (University of Hohenheim, Germany) – <i>Genomics-based breeding in hybrid rye (Secale cereale L.)</i>
14:05-14:20	Д-р. В.Н. Корзун (KWS SAAT SE, Германия) <i>Геномика и молекулярная селекция зерновых.</i>	Dr. Viktor Korzun , (KWS SAAT SE, Germany) <i>Genomics and molecular breeding in cereals</i>
14:30-15:30	Обед	Lunch
	Сессия VII. Будущие вызовы и инновации Председатели: Е.К. Хлесткина, В.Н. Корзун	Session VII. Future challenges and innovations Chairs: Elena Khlestkina, Viktor Korzun
15:30-15:50	Приглашенный доклад: Проф. Jochen Reif (IPK Gatersleben, Германия) – <i>Стратегии больших данных для прогнозирования характеристик гибридной пшеницы</i>	Keynote speaker: Prof. Jochen Reif , (IPK Gatersleben, Germany) – <i>Big data strategies for predicting hybrid performances in wheat</i>
15:50-16:05	Проф. Lee Hickey (University of Queensland, Австралия) - <i>Ускоренная селекция: мощный инструмент для развития исследований и селекции пшеницы</i>	Prof. Lee Hickey (University of Queensland, Australia) – <i>Speed breeding: a powerful tool to accelerate wheat research and breeding</i>
16:05-16:20	Д-р. Jochen Kumlehn (IPK Gatersleben, Германия) - <i>Разработка усовершенствованных технологий</i>	Dr Jochen Kumlehn (IPK Gatersleben, Germany): <i>Developing improved crop genetic</i>

	<i>модификации генов и геномов на примере пшеницы и ячменя</i>	<i>modification and genome editing technologies with particular interest in wheat and barley</i>
16:20-16:30	Перерыв	Break
	Сессия VIII. Крупные проекты сотрудничества на национальном и международном уровнях Председатели: Е.К. Хлесткина, В.Н. Корзун	Session VIII. National and International large collaborative projects Chairs: Elena Khlestkina, Viktor Korzun
16:30-16:50	Проф. Rajeev Varshney (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics – ICRISAT, Индия) - <i>Трансляционная геномика для улучшения сортов культурных растений: опыт ICRISAT</i>	Prof. Rajeev Varshney (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics – ICRISAT, India) - <i>Translational Genomics for Crop Improvement: experiences of ICRISAT</i>
16:50-17:05	Д-р. В.Н. Корзун (KWS, Германия), Simon Griffiths (JIC, Великобритания) - <i>Дизайн пшеницы будущего</i>	Dr. Viktor Korzun (KWS, Germany), Dr. Simon Griffiths (JIC, UK) - <i>Design of Future Wheat</i>
17:05-17:20	Проф. Etienne Paux (INRA-CF, Франция) – <i>BreedWheat – селекция экономически и экологически устойчивых сортов во Франции</i>	Prof. Etienne Paux (INRA-CF, France) – <i>BreedWheat - Breeding for economically and environmentally sustainable wheat varieties</i>
17:20-17:30	Проф. Frank Ordon (JKI, Германия) – <i>Проект proWeizen, Germany</i>	Prof. Frank Ordon (JKI, Germany) – <i>proWeizen, Germany</i>
17:30-17:45	Проф. Е.К.Туруспеков (Казахстан) <i>Изученные ассоциации признаковых маркеров в генетических панелях яровой пшеницы в Казахстане</i>	Prof. Yerlan Turuspekov (Kazakhstan) <i>Marker-trait associations in spring wheat genetic panels studied in Kazakhstan</i>
17:45-18:00	Проф. Xueyong Zhang (ACXH, КНР) - <i>Участки генома китайской пшеницы определяют основу успешных сортов</i>	Prof. Xueyong Zhang (China) – <i>Footprints of Chinese Wheat Genome highlights the basis for successful varieties</i>
18:00-18:15	Проф. Jochen Reif (IPK Gatersleben, Германия) – <i>Генбанк 2.0</i>	Prof. Jochen Reif , (IPK Gatersleben, Germany) – <i>GeneBank 2.0</i>
18:15-18:30	Подведение итогов	Closing remarks

Мероприятие проводится при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 19-016-20007)

Conference is supported by the Russian Fund for Basic Research (grant №19-016-20007)

