

ВВЕДЕНИЕ

Устойчивость к полеганию – один из наиболее значимых хозяйственно ценных признаков, на совершенствование которых направлена селекция ячменя (Barua, 1993). Выявление носителей новых аллелей генов устойчивости к полеганию в коллекциях генетических ресурсов мировых генбанков может значительно расширить наши знания о механизмах генетического контроля этого признака. В то же время, выявленные среди местных сортов источники уникальных аллелей генов карликовости могут быть непосредственно вовлечены в селекционный процесс.

Карликовые и полукарликовые формы пшеницы и риса с укороченной соломиной получили широкое распространение в ходе «Зеленой революции» прошлого века, продемонстрировав рекордные урожаи в Европе и Азии. Генетический механизм, который детерминирует карликовость зерновых культур, практически всегда связан с генами биосинтеза и сигнальных путей гиббереллинов (Bilova, 2016). У пшеницы гиббереллины стимулируют нормальный рост растения, деактивируя белки-репрессоры роста (DELLA-белки). У самых известных карликовых мутантов пшеницы *Rht-B1b* и *Rht-D1b* деактивация DELLA-белков под влиянием гиббереллинов нарушена вследствие мутаций в генах, кодирующих DELLA-белки (Pearce et al., 2011). В то же время у риса карликовость обусловлена нарушенным биосинтезом самих гиббереллинов (Spielmeyer et al., 2002; Itoh et al., 2004). Так, мутация в гене *sd-1*, кодирующем ГА20-оксидазу у риса, приводит к снижению концентрации гиббереллинов, которой становится недостаточно для эффективной деструкции DELLA-блокаторов (Li et al., 2018).

Для ячменя на сегодняшний день описано четыре типа короткостебельности, каждый из которых детерминируется собственной генной системой: *brachytic*, *erectoid*, *uzu* и *sdw* (Dockter, Hansson, 2015). Первые две группы полукарликовых мутантов не получили широкого распространения, по крайней мере в Австралии и США, так как характеризовались уменьшенным размером зерна (Mickelson, Rasmusson, 1994). В то же время полукарликовые формы ячменя – носители *uzu* – занимают более 70% посевов ячменя в Японии, а на Корейском полуострове ими занято более 30% посевных площадей (Saisho et al., 2004).

Носители аллелей *uzu* – одна из немногочисленных групп полукарликовых ячменей, для которой идентифицирован генетический полиморфизм, детерминирующий укороченный стебель – однонуклеотидная замена (SNP) A/G в экзоне гена *HvBR11*, расположенного в длинном плече хромосомы 3Н и кодирующего рецепторную протеинкиназу, связывающую брассиностероиды (Chono et al., 2003). Последние являются фитогормонами, контролирующими рост, развитие и дифференцировку тканей у растений (Shpakov, 2009). Указанный SNP обуславливает аминокислотную замену (гистидин на аргинин) в киназном домене белка, существенно влияя на его функциональность.

Еще один идентифицированный ген полукарликовости у ячменя *sdw1/denso* также локализован в хромосоме 3Н, при этом *sdw1/denso* более

удален от центромеры, по сравнению с *uzu* (Barua et al., 1993). *Sdw1/denso* (*sdw1.d*) – мутантный аллель гена *HvGA20ox2*, кодирующего гиббереллин 20-оксидазу – фермента, задействованного в биосинтезе гиббереллинов (Jia et al., 2009). Отличается делецией 7 нуклеотидов в первом экзоне, ведущей к сдвигу рамки считывания (Terlyakova et al., 2017). Эта мутация, приводящая к короткостебельности, широко используется в селекционных программах США, Канады и Австралии (Jia et al., 2009). Известны другие мутации в этом гене, как естественные (*sdw1.a*), так и полученные искусственным путем (*sdw1.c*, *sdw1.e*) (Dockter, Hansson, 2015).

В коллекции мировых генетических ресурсов ячменя ВИР хранятся образцы с укороченной соломиной, однако до сих пор не установлена генетическая природа карликовости и полукарликовости у этих образцов. В настоящем Каталоге представлены результаты молекулярного анализа 188 образцов, проведенного с целью выявления среди них носителей мутантных аллелей известных на сегодняшний день генов карликовости – *sdw1/denso* и *uzu* (Jia et al., 2009; Chono et al., 2003). Так как коллекционные образцы местных сортов ячменя обычно представляют собой популяцию – смесь различных генотипов, для целей фенотипирования и молекулярного скрининга каждый образец анализировался в трех вариантах: собственно образец и две линии, выращенные из семян двух ранее отобранных из этого образца индивидуальных растений, наиболее контрастных по морфологическим признакам.

Данные молекулярного скрининга были сопоставлены с данными об изменчивости наиболее важных агробиологических признаков, в числе которых рядность колоса, высота растения, полегаемость, сроки появления всходов, перехода к колошению и созреванию, устойчивость к мучнистой росе.