

ПРИОРИТЕТНОЕ НАПРАВЛЕНИЕ 6.4. ОБЩАЯ ГЕНЕТИКА

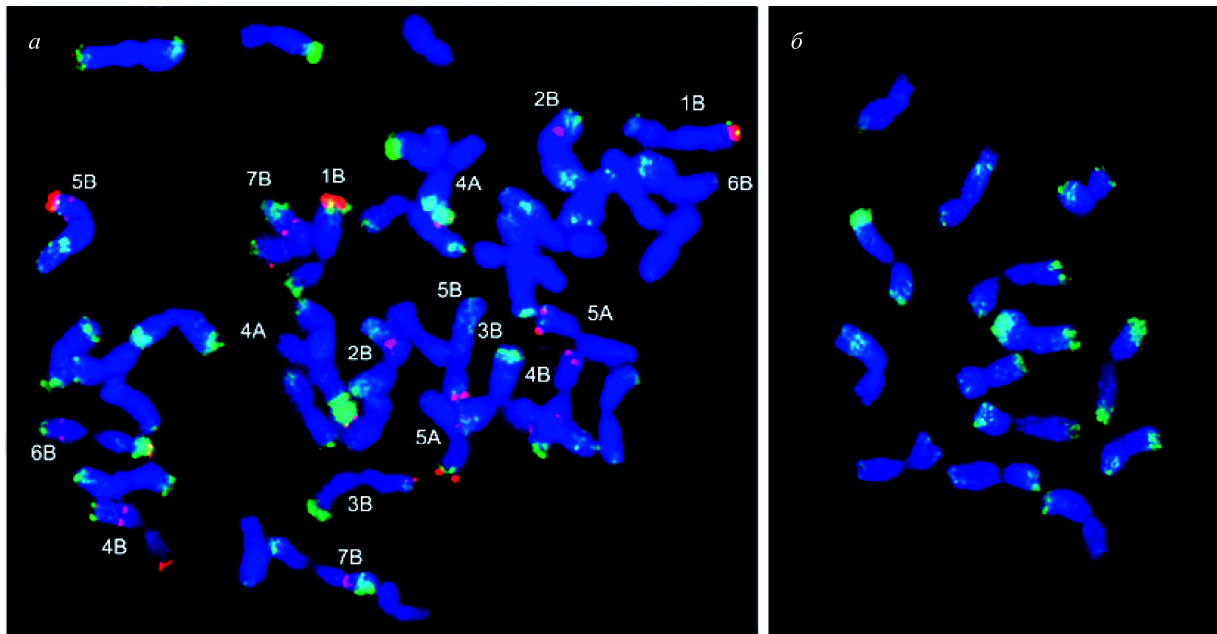
Программа 6.4.1. Реорганизация геномов растений методами хромосомной и генной инженерии (координатор акад. В. К. Шумный)

В Институте цитологии и генетики на основе разработанных методов хромосомной инженерии созданы иммунные линии сорта мягкой пшеницы Саратовская 29: от дикорастущих сородичей пшеницы — *T. timopheevii* и *T. tauschii*. В геном этого сорта интроgressированы гены, контролирующие комплексную устойчивость растений к грибным патогенам и высокое содержание белка в зерне. Показана перспективность использования иммунных линий в селекционных программах: в совместной работе с СИБНИИСХ СО Россельхозакадемии (г. Омск) создан сорт яровой мягкой пшеницы «Памяти Майстренко» (селекционный номер Лютеценс 23528), который передается на государственное сортоиспытание (рис. 14).

Ключевым этапом изучения структурной организации теломерных/субтеломерных участков хромосом является анализ протяженных участков ДНК из этих районов в составе вектора ВАС (bacterial artificial chromosome). В Институте цитологии и генетики впервые показано, что субтеломерные повторы Spelt1 и Spelt52 являются эффективными маркерами для отбора последовательностей, локализующихся на концах хромосом различных видов пшениц, из геномных ВАС-библиотек (рис. 15, а, б). Анализ первичной структуры одной из отобранных последовательностей (ВАС 205008), локализованной на конце длинного плеча хромосомы 4В мягкой пшеницы, показал, что в ее составе преобладают ДНК-транспозоны и наблюдается низкое содержание ретроэлементов (8,4 %) и генов (6,1 %) (рис. 15, в). Впервые показано, что характерной компонентой субтеломерных районов хромосом диплоидных и полиплоидных видов *Triticum* и *Aegilops* являются ДНК-транспозоны семейства *Caspar*.



Рис. 14. Колосья (а) и хлебцы сорта мягкой пшеницы «Памяти Майстренко» (б); стандарт (сорт мягкой пшеницы Омская 35) (в).



6

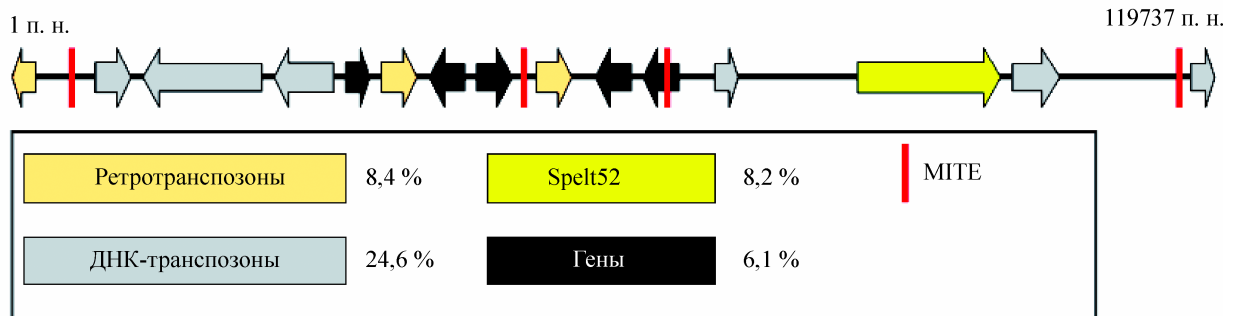


Рис. 15. Локализация VAS 205008 (зеленый цвет) на хромосомах мягкой пшеницы *Triticum aestivum* (а) и *Triticum monosocum* (б). Идентификация хромосом проводилась согласно расположению маркера pSc119,2 (красный цвет). Структура VAS 205008 длиной 119 737 п. н. (в). Указано расположение и содержание мобильных элементов, повторяющихся последовательностей Spelt52 и генов.