

КАРТИРОВАНИЕ ГЕНОВ SH3 И HSH2 ОТНОСИТЕЛЬНО НЕКОТОРЫХ ЛОКУСОВ ХРОМОСОМЫ 5(1Н) ЯЧМЕНЯ

O.B. Нецеветаева

г. Белгород, Белгородский государственный университет

У ячменя тип развития контролируется 3 генами, обозначаемыми символом Sh (Spring habit). Рецессивная гомозигота по всем генам sh является двуручкой, т.е. имеет генотип sh sh, sh2 sh2, sh3 sh3. Озимый тип развития обусловлен доминантным состоянием по гену Sh на фоне рецессивных гомозигот по остальным генам (Sh Sh, sh2 sh2, sh3 sh3) [Takahashi, 1964; Yasuda, 1975]. Присутствие доминантного аллеля по одному из генов Sh2 или Sh3 и при сочетании этих аллелей в одном генотипе приводит к формированию ярового типа развития растений ячменя независимо от аллельного состояния по гену Sh. Рецессивный ген sh эпистатичен генам sh2 и sh3 [Takahashi, 1964].

Sh3 sh3 (Яровой vs. озимый тип развития) показал сцепление в 36% рекомбинации с геном В (Черная окраска цветковых чешуй), который локализован в хромосоме 5 ячменя [Takahashi, Yasuda, 1971]. По отношению к другому фактору хромосомы 5 – trd (третья колосковая чешуя) ген sh3 наследовался независимо. Полученные данные дали основания цитируемым авторам отнести Sh3 sh3 к хромосоме 5. Дальнейших исследований по картированию гена sh3 относительно известных генов хромосомы 5 не проводилось. В связи с этим на генетических картах хромосомы 5 положение его не приводится [Søgaard, Wettstein-Knowles, 1987; Jensen, 1995, 2002; Kleinhofs, 2004]. Однако R.Takahashi and S. Yasuda [1971] считают, что ген sh3 в хромосоме 5 расположен проксимально. Подтверждений этому нет за исключением результатов, полученных на основе QTL (quantitative trait loci) анализа дигаплоидных линий от скрещивания озимого сорта Igri с яровым - Triumph [Laurie et al., 1995]. Авторы утверждают, что один из генов чувствительности к фотопериоду, обозначенный ими ppd-H2, наход-

ится в длинном плече хромосомы 5(=1Н) ячменя.

С целью определения положения гена sh3 в хромосоме 5 использовали формы, маркирующие оба плеча этой хромосомы и различающиеся аллелями локуса Sh3.

Материал и методы.

В первой комбинации одним родителем была яровая форма Sh3 к-376446 с генотипом по генам развития: ShSh, sh2 sh2, Sh3 Sh3, полученная от R. Takahashi и S. Yasuda, а вторым – типично озимый ячмень сорта Оксамыт. Родители отличались также по локусам Hrd A и Hrd B, обуславливающим различия по вариантам гордеинов, а также по аллелям, контролирующими развитие волосков на влагалище листа, которые обусловлены геном, обозначенном здесь как Hsh2 (Hairy leaf sheath 2). Для идентификации аллелей по гордеинкодирующими факторам (Hrd – локусы) использовали электрофоретический анализ в крахмальном геле (рН 3,1; алюминий лактатный буфер) спирторастворимых белков эндосперма смеси зерен с каждого растения F₂. Методика электрофореза гордеинов описана А.А. Поморцевым и др. [1985].

В качестве родителей во второй комбинации скрещивания использовали яровые формы. Один родитель представлял маркерную линию Gle 1 + B + int-a², несущую доминантные гены Gle 1 (Глянцевый колос), В (Черная окраска цветочных чешуй) и рецессивный - int-a² (интермедиальный колос a²). Второй родитель (линия Sh3 к-376446), по данным локусам нёс альтернативные аллели и имел генотип по генам типа развития ShSh, sh2 sh2, Sh3 Sh3, а также отличался наличием волосков на нижнем листовом влагалище, и нес рецессивный аллель v (многорядный колос).

С целью увеличения информативности скрещиваний, морфологические при-

знаки растений F_2 дополнительно тестировали по F_3 . Для этого потомство каждого растения F_2 пересевалось отдельными 1,5 м рядками и оценивалось на гомозиготность. Для выявления различий по $Sh3$ $sh3$ зерна F_3 с каждого растения F_2 высевались весной в полевых условиях и семена оценивались по колошению. Озимые гомозиготы при весеннем посеве не выколачивались. Среди гетерозиготных семей в F_3 встречались растения с яровым и озимым типом развития. Соответственно, семена, несущие в гомозиготе доминантные аллели $Sh3$, характеризовались отсутствием растений с озимым типом развития - не колосящихся при весеннем посеве.

Сцепление между генами рассчитывали методом максимального правдоподобия [Фишер, 1958].

Результаты и их обсуждение.

В таблице 1 представлены результаты анализа сцепления генетических факторов хромосомы 5 ячменя. Локусы Hrd ориентированы в хромосоме 5 так, что Hrd B по отношению к Hrd A находится дистально

[Нецевтаев, 1978]. В соответствии с последней ревизией генома ячменя факторы Hrd (=Hor) маркируют короткое плечо хромосомы 5 (=1H)S [Lundqvist et al., 1997]. Символика обозначения аллелей локусов Hrd A и Hrd B в табл. 1 приводится в соответствии с описанием А.А.Поморцева и др. [1985]. Как видно, ген $Sh3$ наибольшее сцепление показал с фактором Hrd A и более слабое с - Hrd B. Следовательно, $Sh3$ $sh3$ относительно сегмента с гордеинкодирующими локусами расположен проксимально. В то же время, обнаружено сцепление между генами $Sh3$ и $Hsh2$, что может свидетельствовать о локализации доминантного фактора $Hsh2$, обуславливающего наличие волосков на влагалище листа у формы $Sh3$ к 376446, в хромосоме 5. Наиболее вероятное расположение изученных генетических факторов в хромосоме 5 ячменя демонстрирует рисунок. Таким образом, ген $sh3$ может располагаться вблизи центромеры, а $Hsh2$ $hsh2$ (Волосатое vs. голое листовое влагалище 2) в длинном плече этой хромосомы.

Таблица 1

Оценка сцепления гена $Sh3$ с генетическими факторами хромосомы 5 ячменя в комбинации $Sh3 \times$ Оксамыт.

Символы аллелей	Фенотипы в F_2 (тест по F_3)				n	Фаза	χ^2_L	Рекомбинация, %
	A a	B b	BB	Bb	bb			
$Sh3 \times Hsh2$	AA		17	21	11	150	при- тяж.	14,03
	Aa		5	49	25			
	aa		3	12	7			
$Sh3 \times Hrd A12$	AA		15	22	10	144	при- тяж.	10,02
	Aa		19	42	14			
	aa		2	8	12			
$Sh3 \times Hrd B13$	AA		11	26	10	144	при- тяж.	10,35
	Aa		23	36	16			
	aa		2	7	13			
$Hrd A12 \times Hrd B13$	AA		26	5	5	145	при- тяж.	81,24
	Aa		9	50	13			
	aa		1	14	22			
$Hsh2 \times Hrd A12$	AA		7	14	2	144	при- тяж.	4,64
	Aa		22	37	21			
	aa		7	21	13			
$Hsh2 \times Hrd B13$	AA		7	11	6	144	при- тяж.	5,02
	Aa		24	36	19			
	aa		5	22	14			

Таблица 2

Оценка сцепления локусов хромосомы 5 ячменя Gle 1, B, Hs в комбинации
Gle 1 + B + int-a² X Sh 3 + Hs + v.

Символы аллелей	Фенотипы в F ₂ (тест по F ₃)			n	Фаза	χ^2_L	Рекомбинация, %
A x B	BB	Bb	bb				
a x b							
<u>Gle 1</u> x <u>B</u> <u>gle 1</u> x <u>b</u>	AA	12	16	6	114	при- тяж.	0,19
	Aa	26	13	13			
	aa	16	6	6			
<u>Gle 1</u> x <u>Hsh2</u> <u>gle 1</u> x <u>hsh2</u>	AA	10	15	8	114	от- тал- кив.	0,24
	Aa	8	25	19			
	aa	8	12	9			
<u>B</u> x <u>Hsh2</u> <u>b</u> x <u>hsh2</u>	AA	8	26	20	114	от- тал- кив.	8,16
	Aa	10	15	10			
	aa	7	12	6			

Учитывая полученные результаты, был проведен анализ сцепления гена Hsh2 с Bb (Черная vs. белая цветковая чешуя) и Gle1 gle1 (Глянцевый vs. восковидный колос). В данном случае ген B маркирует длинное плечо хромосомы 5 (=5L), а Gle1 – короткое плечо (=5S). Доминантный ген Gle1, контролирующий отсутствие воскового налета на колосе у растений ячменя, тесно сцеплен с Hrd B и расположен от него дистально (V.P. Netsvetaev and A.A. Sozinov, 1984; В.П. Нецовтаев, 2000). В данном случае оба родителя имели яровой тип развития. В потомстве F₂ и F₃ не выщеплялись озимые формы, что свидетельствовало об отсутствии различий между этими родителями по гену Sh3. К сожалению в этой ком-

бинации сложно было использовать ген int-a² (интермедиум a²), маркирующий прицентромерный район хромосомы 5 (G. Persson, 1969), т.к. рецессивные факторы int-a² и v (хромосомы 2) имеют близкое фенотипическое проявление. Поэтому они были исключены из генетического анализа. Bb обнаружил сцепление с фактором Hsh2 (табл. 2). Локус Gle1 показал независимое наследование как с Bb, так и с Hsh2 hsh2. Эти данные подтверждают результаты, полученные в предыдущей комбинации скрещивания. Таким образом, ген Hsh2 линии Sh3 к-376446 расположен в длинном плече хромосомы 5 между локусами B и Sh3, как показано на рисунке

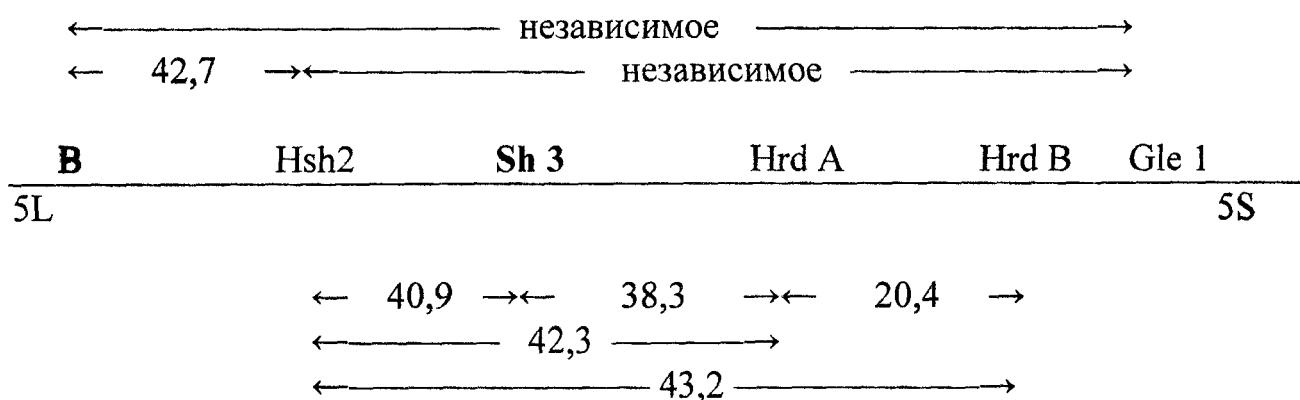


Рис. Расположение локусов Sh 3 и Hsh2 относительно известных генов хромосомы 5 ячменя.

Список литературы

- Нецеваев В.П. Картирование локусов Hrd у ячменя с помощью реципрокных транслокаций / Биологические основы рациональн.использов. животн. и растит. мира / В.П. Нецеваев. – Рига: Зинатне, – 1978. – С. 145–146.
- Поморцев А.А. Полиморфизм культурного ячменя (*Hordeum vulgare*) по гордеинам / А.А. Поморцев, В.П. Нецеваев, А.А. Созинов // Генетика. – 1985. – Т.21, №4. – С. 629–639.
- Фишер Р.А. Статистические методы для исследователей / Р.А. Фишер. – М.: Госстатиздат, 1958. – .236 с.
- Jensen J. Coordinator's report: chromosome 5 / J. Jensen // Barley Genetics Newsletter. – 1995. – V. 25. – P. 96–98.
- Jensen J. Coordinator's report: chromosome 5 / J. Jensen // Barley Genetics Newsletter. – 2002. – V. 32. – P. 141–143.
- Kleinhofs A. Integrating molecular and morphological / physiological marker maps / A. Kleinhofs // Barley Genetics Newsletter. – 2004. – V. 34. – P. 111–122.
- Laurie D.A. RFLP mapping of 5 major genes and 8 quantitative trait loci controlling flowering time in a winterXspring barley (*Hordeum vulgare* L.) cross / D.A. Laurie, N. Pratchett, J.H. Bezzant, J.W. Snape J.W // Genome. – 1995. – V. 38. – P. 575–585.
- Lundqvist U. New and revised descriptions of barley genes / U. Lundqvist, J.D Franckowiak, T. Konishi // Barley Genetics Newsletter. – 1997. – V. 26. – P. 22–477.
- Persson G. An attempt to find suitable genetic markers for dense ear loci in barley I / G. Persson // Hereditas. – 1969. – V. 62, №. 3. – P. 25–96.
- Søgaard B. Genes and chromosomes / B. Søgaard, P. von. Barley Wettstein-Knowles // Carlsberg Research Communications. – 1987. – V. 52, № 2. – P. 123–196.
- Takahashi R. Further studies on the phylogenetic differentiation of cultivated barley / R. Takahashi // Barley Genetics I. Wageningen. – 1964. – P. 19–26.
- Takahashi R. Genetics of earliness and growth habit in barley / R. Takahashi, Sh. Yasuda // Barley Genetics II. Proc. 2nd International Barley Genet. Symp. – Washington, 1971. – P. 388–408.
- Yasuda Sh. Effect of four different spring genes on earliness of heading, grain yield and some yield components / Sh. Yasuda // Barley Genetics III. Garching. – 1975. – P. 702.

УДК 58.032

ИНДУКЦИЯ СТРЕССА И ПУТИ ВЫВЕДЕНИЯ СЕМЯН ИЗ СТРЕССОВОГО СОСТОЯНИЯ

В.П. Грязнов

г. Белгород, Белгородский государственный университет

Стресс - есть неспецифический ответ организма на любое воздействие, нарушающее его нормальное функционирование.

Стрессовое состояние организма длится от начала до окончания действия стресса, а затем наблюдается лаг-фаза - переходное состояние к нормальному функционированию. Стресс, как правило, вызывает: гидролитический распад запасных веществ, накопление продуктов жизнедеятельности, ядов и др. соединений [Шматыко, 1989]. Длительность лаг-фазы зависит от силы и продолжительности действия стрессового фактора.

Многие факторы среды оказывают

отрицательное воздействие на посевные качества семян. Воздействия на семена в процессе их формирования, налива и созревания, находящиеся на материнском растении или во время набухания и прорастания после посева, в семенах возникает стресс [Николаева, 1985].

Известно, что почвенный раствор содержит определенное количество солей. Степень засоления почв, различна. Мы поставили задачу - выяснить, как ведут себя семена на таких почвах. Для этого провели модельный опыт. Семена исследуемых культур намачивали в растворе NaCl различной концентрации (0,1-1,0 M) в течение 1-3 суток. Затем проращивали их обычным