

AGRONOMYDOI <https://doi.org/10.30525/978-9934-26-184-8-1>**ДНК-ПОЛІМОРФІЗМ *DHN5* ТА ОСОБЛИВОСТІ
ІНТРОНУ І ЛОКУСУ *VRN-H1* У СОРТІВ ЯЧМЕНЮ****Бальвінська М. С.**

*кандидат біологічних наук,
провідний науковий співробітник відділу загальної
та молекулярної генетики*

*Селекційно-генетичний інститут – Національний центр
насіннезнавства та сортовивчення Національної академії
аграрних наук України
м. Одеса, Україна*

Несприятливі температурні умови є найважливішими чинниками в світовому виробництві сільськогосподарських культур, що здійснюють негативний вплив на розповсюдження і врожай рослин. Одержання сортів, які є стійкими до несприятливих умов вирощування є складним і тривалим селекційним процесом. Допоміжними засобами, що потенційно прискорюють процес селекції є маркери генів важливих ознак, можливість одержання і використання яких з'являється при залученні ДНК-технологій.

Модельною системою для вивчення властивостей представників *Triticeae* є ячмінь. Відомо, що у ячменю, як і у інших злаків, у відповідь на абіотичний стрес (холод, посуха, зневоднення) індукуються гени з надсімейства *AP2/EREBP*, в тому числі родини *Cbf*, а також інших родин генів, зокрема *Dhn* [1, с. 47]. За літературними джерелами різницю в алельному стані стресових генів у генотипів ячменю може бути детектовано молекулярно-генетичними методами, зокрема шляхом ПЛР-аналізу [2, с. 1131].

Одним з перших дегідринових генів, що активується на стресові умови, зокрема холод, низьку температуру, а також

посуху є ген *Dhn5* [3, с. 607]. Дослідно підтверджено, що озимі та ярі культури по різному накопичують білок DHN5: озимі культури показують вищий рівень накопичення білка, ніж ярі. Кількість накопиченого DHN5 корелює з рівнем низькотемпературної толерантності [3, с. 607; 4, с. 608].

У дослідженнях попередніх років був проведений ПЛР-аналіз низки колекційних сортів ячменю України з парою праймерів, розроблених на основі сиквенсу помотору гену *Dhn5* (*Dhn 5-1.1*), за результатами якого, був детектований ДНК-поліморфізм у даному локусі та виявлено два алельних варіанти 210 п.н. та 190 п.н. [1, с. 51]. При біоінформатичному аналізі встановлено, що використані праймери охоплюють ділянку промотору 166 п.н. Також було встановлено, що досліджена ділянка промотору (*Dhn5.1*) містить послідовності, до яких приєднуються чинники транскрипції, що діють при стресових умовах, зокрема при низькій температурі, та наявність поліморфізму, імовірно, впливає на здатність приєднання тих чи інших факторів транскрипції і генну експресію. За даними аналізу, в послідовності промотору також передбачається наявність множинних одонуклеотидних мутацій (SNP) в сайтах зв'язування факторів транскрипції.

Наразі продовжений молекулярно-генетичний аналіз сортів ячменю різного походження, зокрема з колекції СГІ-НЦНС та світового центру генетичних ресурсів рослин зі специфічними праймерами до ділянки промотору гену *Dhn5* (локус *Dhn.5.1*). На відміну від попередніх результатів, де були визначені два алельних варіанти, в даному дослідженні було детектовано новий алель 290 п.н.

За результатами дослідження 78 сортів ячменю, алель 210 п.н., який притаманний саме генотипам з високою НТ-стійкістю, був детектований у більшості (57) сортів, зокрема у 41 озимого сорту. Цей алель також мали 11 досліджених сортів-дворучок та 5 з 17 ярих генотипів. Привертає увагу, що три з цих ярих сортів мали походження зі стран з кліматичними умовами, де літо, зазвичай, прохолодне (Агга, Ету з Фінляндії та Маја з Данії). При цьому, за попереднім аналізом мутацій в інтроні I локусу *Vrn-H1*, що має відношення до QTL морозостійкості-1 (*Fr-H1*), розташованому у довгому плечі хромосоми 5Н [3, с. 602], сорти

Arra, Etna, мали наявність вставки MITE, як більшість озимих сортів, в яких відсутня велика делеція LTR, а в сорту Мажа був детектований алель *HvVRN1-4*, один з тих *VRN-H1*-алелів, що зустрічається у озимих сортів ячменю. Крім цього, ще один сорт (Хенія) з алелем 210 п.н. за локусом *Dhn5.1* є носієм *HvVRN1*-алелю дикого типу, який розповсюджений серед озимих сортів і в якого детектується відсутність делеції в LTR-регіоні інтрону I локусу *Vrn-H1*, також, як у більшості сортів озимого типу розвитку. В той час алель 190 п.н. за локусом *Dhn5.1* детектований у більшості (12) досліджених ярих сортів та ще 9 озимих. При цьому сорти ярого ячменю з алелем 190 п.н. мали за аналізом інтрону I локусу *Vrn-H1* алелі *HvVRN1-1* та *HvVRN1-3*. Третій алель за локусом *Dhn5.1* приблизно 290 п.н. був детектований тільки у одного з 51 озимих сортів (сорт Gerlach), тобто виявився малопоширеним. За одержаними даними з розподілу *Dhn5*-алелів, зокрема, серед ярих сортів, можна припустити, що алель 210 п.н. вказує на можливу наявність генетичного потенціалу підвищеної стійкості до стресових умов, зокрема низьких температур або посухи. Однак це лише припущення, так як доказів прямої залежності між наявністю певного алеля і ознакою стійкості до певного абіотичного фактору на даному етапі доки не встановлено.

Література:

1. Сиволап Ю. М., Бальвінська М.С., Захарова О.О. [та ін.]. Молекулярні маркери у розвитку теорії і практики селекції ячменю : науково-метод. посібник. Одеса : Астропринт, 2014. 72 с.
2. Haliloglu K., Tosun M., Yildirim T., Aydin M. The novel approach towards estimation of frost tolerance in barley. *Biotechnol. & Biotechnol. eq.* 2009. Vol. 23. № 1. P. 1131–1135.
3. Kosova K., Prasil I., Vitamvas P. The relationship between vernalization– and photoperiodically-regulated genes and the development of frost tolerance in wheat and barley. *Biol. Plant.* 2008. Vol. 52, N 4. P. 601–615.
4. Kosova K., Vitamvas P., Prasil I.T. The role of dehydrins in plant response to cold. *Biol. Plant.* 2007. Vol. 51. P. 601–617.