

Полиморфизм длины гена *SBEIIa* у пшеницы
Шатурова Александра Сергеевна
студент
Биологический факультет МГУ им. М.В.Ломоносова, Москва, Россия
E-mail: a-l-ya@yandex.ru

Изучение полиморфизма последовательностей ключевых генов биосинтеза крахмала успешно применяется для установления филогенетических взаимоотношений представителей сем. злаки (*Poaceae*) [Mason-Gamer et al., 1998]. Кроме того, исследования изменчивости данных генов имеют и прикладное значение, так как позволяют искать новые подходы к контролю над основным хозяйственно важным признаком зерна: содержанием крахмала и его качеством.

Целью настоящего исследования стало изучение полиморфизма структуры гена *SBEIIa* у пшеницы. В ходе анализа последовательности нуклеотидов паралогичных генов *SBEIIa* и *SBEIIb Aegilops tauschii* были выявлены наиболее консервативные участки, по которым и были подобраны праймеры для ПЦР-амплификации фрагмента гена *SBEIIa* с 9 по 12 экзон (длина фрагмента составляет примерно 2200 п.о.). Результаты ПЦР с ДНК мягкой пшеницы (*Triticum aestivum*) дали основания полагать, что существует межгеномный полиморфизм по длине данного гена: из ДНК мягкой пшеницы приблизительно с одной эффективностью амплифицировались 3 фрагмента, отличающиеся между собой по размеру на 100-200 п.о. Для обоснования выдвинутого предположения был проведен ПЦР-анализ ДНК твердой пшеницы (*Triricum durum*, носителя геномов А и В), *Triticum monococcum* (предполагаемого источника А-генома), *Aegilops speltoides* (предполагаемого источника В-генома), *Aegilops tauschii* (предполагаемого источника D-генома). Результаты анализа полученных фрагментов подтвердили наличие межгеномного полиморфизма длины гена *SBEIIa*. Фрагмент из генома *T.monococcum* имел наибольшую длину, из генома *Ae.speltoides* – наименьшую; у *Ae.tauschii* длина фрагмента оказалась промежуточной. Таким образом, было показано, что копия гена *SBEIIa* в В-геноме мягкой и твёрдой пшениц наиболее близка к последовательности этого гена у *Ae.speltiodes*. Это служит подтверждением того, что участок хромосомы мягкой и твердой пшениц, содержащий данный ген, действительно может происходить от *Ae.speltoides*.

Возникновение выявленного случая полиморфизма можно объяснить структурными особенностями гена, повышающими вероятность возникновения делеций или инсерций внутри его последовательности. Полиморфные варианты могут носить адаптивный характер, затрагивая экзоны или регуляторные районы интронов. Для локализации районов делеций или инсерций необходимо провести секвенирование всех трёх копий данного гена из различных геномов, что является целью дальнейшей работы.

Кроме того, полученные результаты имеют определенное прикладное значение. С помощью ПЦР-анализа длины гена *SBEIIa* можно осуществлять быструю диагностику видовой принадлежности зерна пшеницы (прежде всего *T.aestivum* и *T.durum*) и полученного из него сырья.

Литература:

1. Mason-Gamer R.J., Weil C.F. and Kellogg E.A. (1998) Granule-bound starch synthase: structure, function, and phylogenetic utility // Molecular Biology and Evolution vol. 15(12), pp. 1658-73.