

УДК: 633.16:633:52.632:112

С.С. Кенжебаева*, Г. Доктырбай, С.Д. Атабаева, Р.А. Алыбаева,
Ш.С. Дагарова, М.Е. Елтаева, Г.Н. Хасен

Казахский национальный университет им. аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан
*e-mail: kenzhebaevas@mail.ru

Высокомолекулярные субъединицы глютенина у М4 линий яровой пшеницы – доноров высокого содержания белка в зерне и продуктивности

Определен компонентный состав запасных белков глутенинов у продуктивных и высокобелковых образцов М4 мутантных линий яровой пшеницы (*Triticum aestivum L.*) из созданной мутантной коллекции на генетической основе сорта Женис и путем воздействия различных доз гамма радиации.

Ключевые слова: продуктивные мутантные М4 формы пшеницы-доноры, глутенины, высокое содержание белка.

С.С. Кенжебаева, Г. Доктырбай., С.Д. Атабаева., Р.А. Алыбаева.,
Ш.С. Дагарова, М.Е. Елтаева, Г.Н. Хасен

Жаздық бидай М4 линияларының донорларының өнімділігі және жоғарғы белоктық мөлшелері - глутенинің жоғары молекулалық суббірліктері

Өнімді және жоғары белоктық мөлшелері бар М4 мутантты жаздық бидайларының глутенинді қор белоктардың топтық құрамын анықталған.

Бұл М4 мутантты линиялар Женіс бидай сортынның негізінде алынған жоғары молекулалық суббірліктері (ЖМСБ) (*Triticum aestivum L* 5 үлгілері) алынды осы негізде жасалған генетикалық мутанттарды топтамалық жолымен радиациялық гамма сәулесімен әсер етті.

Түйін сөздер: М4- донорларлы мутант бидай өнімділігі, глутениндер, белоктың жоғары мөлшері.

S.S. Kenzhebayeva, G. Doktyrbay., S.D. Atabaeva., R.A. Alybaeva,
Sh.S. Dagarova, M.E. Eltaevna, G.N. Khasen

Highmolecular glutenin subunits on the M4 mutant lines of spring wheat - donors of productivity and high protein content grain

Composition of the storage proteins of glutenin on productive and high-protein content in grain on samples of M4 mutant lines of spring wheat (*Triticum aestivum L.*) from the created mutant collection on the genetic basis of grades and Jenis by exposure to different doses of gamma radiation is determined.

Keywords: M4 the productive mutant forms of wheat donor, glutenins, high protein grain content.

Вклад селекции в повышение урожайности важнейших ельскохозяйственных культур за последние 30 лет оценивается в 40-80%. Благодаря селекции за последние 50 лет, например в США, была обеспечена ежегодная прибавка урожая на 1-2% по основным культурам. Роль генетического улучшения сортов и гибридов в повышении продуктивности и качества урожая будет непрерывно возрастать [1].

В основе селекционного улучшения культуры лежит генетическое разнообразие и методы генетической реконструкции улучшаемых полезных признаков. Его эффективность достигается при наличии

широкого генетического разнообразия исходного материала. Генетические ресурсы во всем мире рассматриваются как основной источник улучшения сельскохозяйственных культур на ближайшие десятилетия. Генофонд предопределяет создание сорта с улучшенными хозяйственно ценными признаками и качеством конечного продукта, повышенным адаптивным потенциалом и устойчивостью к неблагоприятным факторам, способного конкурировать с лучшими сортами в конкретных производственных условиях. Между тем в селекции важнейших сельскохозяйственных культур Казахстана отмечается усиливающийся недостаток

генетического разнообразия [2]. Очевидна и неотложна необходимость расширения, изучения и качественного изменения спектра доступной отбору генотипической изменчивости растений. Эта проблема исходит из тенденции сужения ареалов и разнообразия растений культурной и дикой флоры в масштабе республики. В этой связи, расширение и улучшение генофонда сельскохозяйственных культур, в том числе, пшеницы, поиск новых аллелей генов, контролируемых хозяйственно ценные признаки, их идентификация и познание молекулярно-генетической и морфогенетической природы на основе современных молекулярно-генетических, биохимических, технологических подходов особенно актуально и позволит осуществить перевод селекции на качественно новый уровень.

Исследования последних лет убедительно показывают, что использование мутагенеза и мутационной селекции открывает большие возможности для прогресса селекции, коренного генетического улучшения культурных растений. Так, количество сортов, созданных методом экспериментального мутагенеза, приблизилось к 31 тысячи, в том числе по пшенице - 164. Наиболее интенсивно в этом направлении работают в Китае - создано 264 сорта; в Индии их число оценивается - 186, Нидерландах - 171, в бывшем СССР - 96, в Японии - 87, в США - 75 сортов: различных сельскохозяйственных культур [3]. Особая ценность метода экспериментального мутагенеза заключается в возможности получения принципиально новых форм растений; неизвестных ранее в растениеводстве.

К 2000 году ФАО/МАГАТЭ база данных мутантных сортов (MVD) имеет информацию о 2252 сортах зерновых культур, полученных путем мутационной селекции и официально допущенных к производству в 59 странах мира, в основном, в Азии (1142), Европы (847) и Северной Америке (160). Почти половина этих сортов (1019) допущена к производству после 1985 г. Перечень видов сельскохозяйственных культур с индуцированными мутантными сортами достиг 175 вида в 2000 году, по сравнению с 154 видами в 1995 году. Относительно пшеницы, существует данные о

197 официально допущенных к производству мутантных сортов. Это указывает на увеличивающуюся динамику в современном применении этого метода в селекции растений [4].

Желаемая мутация в хорошей генетической основе является очень привлекательным компонентом в селекционных программах. Такой подход значительно проще и быстрее, чем скрещивание с экзотическим источником, и это является одной из основных причин широкого использования мутировавших аллелей в селекции многих видов.

Ценность пшеницы определяется главным образом содержанием и составом белка в зерне [5]. Уникальность зерна пшеницы обусловлена наличием клейковинных белков, которые представлены большим полиморфизмом глютенина и глиаина [6]. Хорошо известна значимость белков глютенина и глиаина в хлебопекарнии. Качество хлеба напрямую связано с наличием или отсутствием специальных белковых единиц. Глютеновые белки, глиаины и глютенины, составляют 80-85% от общих белков муки и тем самым придают эластичность и растяжимость пшеничной муке.

Известны три основные генетические системы, контролирующие хлебопекарное качество мягкой пшеницы (*T. aestivum*) как сложный полигенный признак. Это гены *Glu*, определяющие компонентный состав высокомолекулярных (HMW) и низкомолекулярных (LMW) запасных белков глютенинов; гены *Gli*, кодирующие спирторастворимые белки глиаины и локус *Ha*, детерминирующий консистенцию эндосперма [7]. Различные аллели генов ВМС глютенина особенно важны для определения клейковины и упругости теста. Идентифицированные аллели ВМС глютенина, влияющие на клейковину теста, усиливаются в позитивном или негативном направлениях, могут быть использованы селекционерами для улучшения качества хлебопечения. ВМСГ кодируются генами при трех *Glu-1* локусов: *Glu-A1*, *B1Glu-Glu*-и *D1*, расположенных на длинных плечах гомологичных групп-1 хромосомах [8]. Каждый локус состоит из двух тесно связанных генов, например, *Glu-D1-1* и *Glu-D1-2*, которые кодируют х и усубъединицы, соответственно. Среди аллельных ВМС субъединиц, контролируемых

Цель работы было: исследование запасных белков высокомолекулярных субъединиц глютеина (ВМСГ) у продуктивных и высокобелковых образцов М4 мутантных линий яровой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) из созданной мутантной коллекции на генетической основе сорта Женис, районированного в Казахстане, и путем воздействия гамма радиацией дозами 100 и 200 γ.

Материалы и методы

Высокомолекулярные субъединицы глютеина выделяли и анализировали одномерным электрофорезом в SDS-PAGE по [9]. Белки выделяли из индивидуальных зерновок. Выделение запасных белков проводилось методом [10]. Идентификация ВМСГ осуществлялась путем сопоставления электрофореграммы анализируемого образца

со спектром ВМСГ сорта-стандарта Женис и использованием маркерного набора белков фирмы Bio Rad.

Для анализа были взяты следующие номера М4 линии сорта Женис, доза воздействия 100 γ, №25(1), №25(2), №26(6), №26(9), №26(10), №30(1), №36(1), и дозой воздействия 200 γ, №43(1), №49(2), №49(4), №51(2), превышающие исходный сорт стандарт Женис по элементам продуктивности и содержанию белка [11].

Результаты и их обсуждение

Изучение глютеинов пшеницы показало, что их полиморфизм обусловлен множественным аллелизмом мультигенных локусов кластерного типа, расположенных в коротких плечах первой и шестой гомеологических групп хромосом.

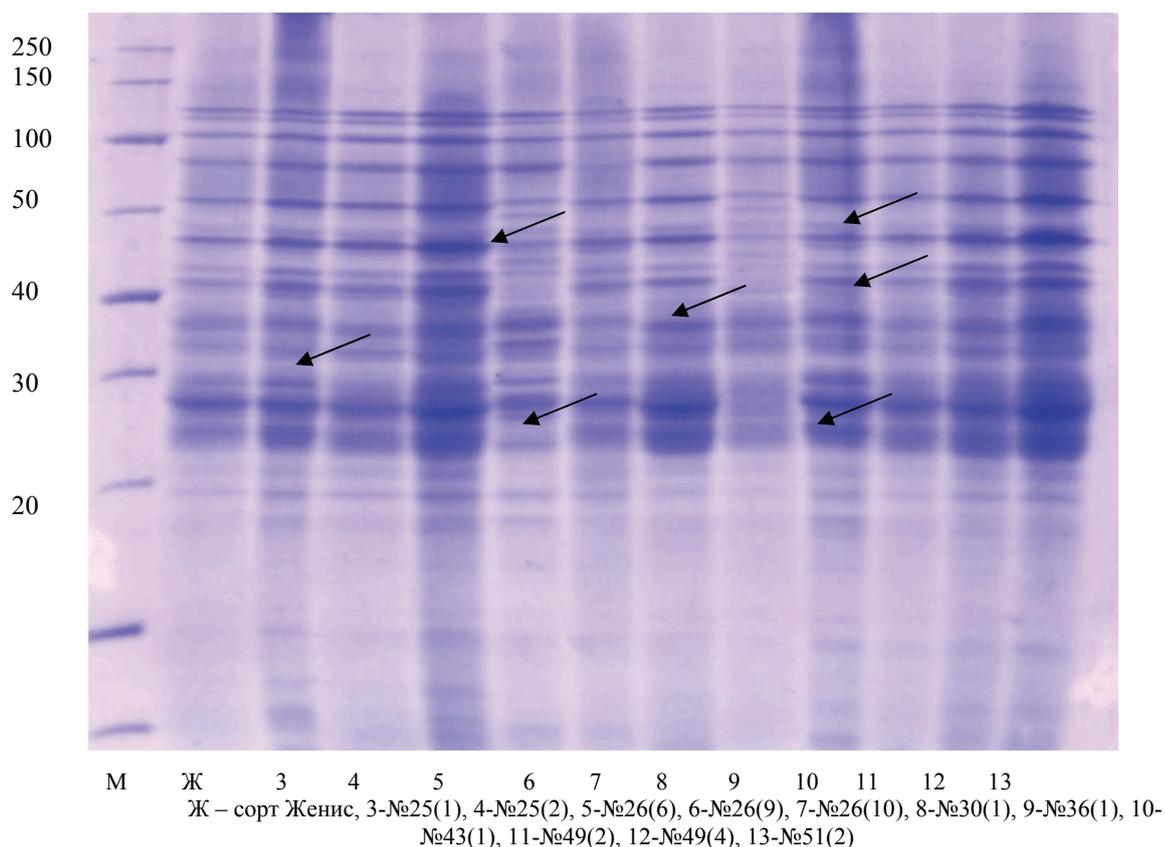


Рисунок 1 – Электрофоретический спектр запасных белков глютеинов сорта Женис и М4 мутантных линий, доза 100 и 200 γ

Среди изученных образцов М4 мутантных форм яровой пшеницы, доза 100 γ, по компонентному составу ВМСГ, М4 линий

№26(9) и №36(1), характеризующиеся повышенным содержанием белка в зерне по сравнению с сортом Женис [12] отличались от

сорта стандарта появлением ряда новых компонентов в белковых спектрах зоны ВМСГ и усилением плотности ряда других (рисунок 1). У высокобелковой М4 линии №26(9) выявляется появление трех новых компонентов с молекулярными массами 60, 75 и 80 кДА (на электрофореграмме изменения отмечены стрелкой) и усиление плотности ряда других в зоне НМСГ (рисунок 1). У высокобелковой линии №36(1) отмечается появление двух новых компонентов с молекулярными массами 60 и 80 кДА.

Электрофореграммы глютеинов у созданных высокобелковых линий сорта Женис, доза 200 γ, №43(1), №49(2), №49(4), №51(2), за исключением М4 линии №43(1), не различались от таковых сорта Женис (рисунок 1). Белковый спектр М4 линии №43(1)

характеризовался появлением одного нового компонента в зоне ВМСГ и двух в зоне НМСГ (рисунок 1).

На основании выявленных различий в белковом спектре глютеинов можно заключить, что М4 линии сорта Женис, доза 100 γ, №26(9) и , №36(1) являются мутантными производными сорта Женис, созданных при действии дозы 100 γ. Аналогичный вывод следовал из электрофореграммы глютеинов у линии №43(1), доза 200 γ. Таким образом, действительность мутантного происхождения М4 линий №26(9) и №36(1), доза 100 γ, и №43(1), доза 200 γ, подтверждается результатами анализа белковых спектров глютеинов. События коснулись, видимо, длинных плеч 1В, либо 1А хромосом.

Литература

- 1 Rebetzke G.J., Condon A.G., Farquhar G.D., Appels R., Richards R.A. Quantitative trait loci for carbon isotopediscrimination are repeatable across environments and wheatmapping populations // *Theor. Appl. Genet.* - 2008. - № 118. – P. 123–137.
- 2 Shewry P.R. *Wheat* // *J. Exp. Bot.* - 2009- Vol. 60. - No. 6. – P. 1537–1553.
- 3 Календарь Р.Н., Глазко В.И. Типы молекулярно-генетических маркеров и их применение // *Физиология и биохимия культурных растений.* – 2002. - №34(4). – С. 141-156.
- 4 Уразалиев Р.А., Алимгазинова Б.Ш., Кененбаев С.Б., Есимбекова М.А., Мукин К.Б. Второй Национальный отчет о состоянии генетических ресурсов для продовольствия и сельского хозяйства в Казахстане. – Алматы: Асыл Кітап, 2007. – С. 106.
- 5 Есимбекова М.А., Алимгазинова Б.Ш. Генетические ресурсы растений Казахстана: состояние и перспективы // *Вавил. ж. генетики и селекции.* – 2012. –Т. 16. -№3. - С. 648-654.
- 6 Waugh R., Leader D.J., McCallum N., Caldwell D. Harvesting the potential of induced biological diversity // *Trends in Plant Sci.* – 2006. - №11. –P. 71-79.
- 7 Maluszynski I., Szarejko C.R., Bhatia K., Nichterlein P., Lagoda J.L. Methodologies for Generating Variability: Chapter 8. - Mutation Techniques. In book *Plant Breeding and Farmer Participation. Part 4: Eds. Ceccarelli S., Guimarães E.P., Weltzien E.M.* - 2009. – P. 159-194.
- 8 Galili G., Feldman M. Genetic control of endosperm proteins in wheat. 2. Variation in high molecular weight glutenin and gliadin subunits of *Triticum aestivum* // *Theor. And Appl. Genet.* -1983. – V.66. -P. 77-86.
- 9 Laemmli U.K. Cleavage of structural proteins during assembly of the head of bacteriophage. T.4. // *Nature.* 1970. –V.277. №4. –P. 178-189.
- 10 Попереля Ф.А., Асыка Ю.А. Определение гибридности семян кукурузы по электрофоретическим спектрам зеина // *Доклады ВАСХНИЛ.* - 1989. - №3. – С. 2-4.
- 11 Kenzhebayeva S., Alybayeva R., Atabayeva S., Doktirbai G., Kaldybekkyzy G., Asrandina S. Improvement of spring wheat protein quality and quantity by mutation breeding // *Current Opinion in Biotechnology.* – 2013. – V. 24. – P. 85.