

Использование сравнительной геномики для разработки методов маркер-сопутствующей селекции овощных культур семейства *Solanaceae*

Бабак О.Г.,^{А*} Некрашевич Н.А.,^А Никитинская Т.В.,^А Яцевич К.К.,^А

Пугачева И.Г.,^Б Добродькин М.М.,^Б Кильчевский А.В.^А

^АИнститут генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

*Email: babak_olga@mail.ru

^ББелорусская государственная сельскохозяйственная академия, Горки, Беларусь

Сравнительный анализ генетических последовательностей является начальным и основным этапом разработки SCAR-маркеров для идентификации выявленного полиморфизма и скрининга растительного материала на наличие желаемых аллелей. Объектом наших исследований являются овощные культуры семейства *Solanaceae*, основу биологически активных веществ составляют каротиноиды и флавоноиды, которые, наряду с низкой калорийностью, обеспечивают их использование в качестве продуктов для функционального питания, способствующих профилактике онкологических заболеваний, а также снижению риска сердечно-сосудистых заболеваний, атеросклероза, повышению иммунитета, синтезу зрительных пигментов, активации процессов обмена веществ у человека при их употреблении. Наряду с биохимическими показателями плодов, важными являются и технологические, позволяющие сохранить высокое качество продукции длительный период путем увеличения периода созревания. В связи с этим, целью наших исследований является разработка методов молекулярного маркирования на основе выявленного полиморфизма генов, определяющих и регулирующих накопление каротиноидов и флавоноидов, для создания форм томата и перца с высокими биохимическими и технологическими качествами. На основе анализа секвенированных последовательностей генов у форм с различным проявлением признаков накопления пигментов разработаны генетические маркеры для ДНК-типирования выявленных полиморфизмов. Созданы генотипы с различным сочетанием структурных генов томата - каротиноидной изомеразы (CRTISO), хромопласт-специфической липолин-β-циклазы (CYC-B) и перца - капсантин-капспорубин синтазы (CCS), а также регуляторных генов томата и перца длительного срока созревания: *non-ripening*, *ripening-inhibitor*, увеличения числа и размеров пластид: *high pigment -1*, *high pigment -2 dark green*, нарушающих процесс разрушения хлорофилла: *green flesh*, *chlorophyll retainer*, регуляторных генов, определяющих накопление антоцианов: серия аллелей Myb-like факторов. Изучены особенности накопления каротиноидов и флавоноидов в зависимости от сочетания изучаемых аллелей качества плодов, созданы высокопродуктивные сорта и гибриды с высоким накоплением ценных биологически активных веществ.

Получение антител к вирусам растений с помощью генно-инженерных конструкций

Борзов Н.И. *, Сурат Е.В.

НИИ физико-химической биологии им. А. Н. Белозёрского МГУ, Москва, Российская Федерация. *Email: Borzovnikita@bk.ru

Одной из важнейших проблем современной вирусологии растений является идентификация вируса в растении. Зачастую инфекция протекает бессимптомно, и выявить вирус не удаётся длительное время. В некоторых случаях, как например, при заражении виридом веретеновидности клубней картофеля, симптомы можно

обнаружить только на отдельных частях растения (в данном случае – на клубнях, но не на зелёной массе), что усложняет диагностику. Существует несколько методов для диагностики вирусных заболеваний растений. В основном они основаны на иммунохимических реакциях. К таковым относятся иммуноферментный анализ (ИФА), иммуно-блоттинг, иммуно-дотинг. Но главной проблемой является получение специфичных антител с высоким титром к исследуемому вирусу, способных обнаруживать его на ранних стадиях инфекции, когда его концентрация мала. Мы работали с двумя вирусами: BOM (вирус огуречной мозаики) и YBK (Y вирус картофеля). Использовали штаммы BOM - isolate PV-018 и YBK - Y0 DSMZ PV-0324. BOM является одним из вирусов обширного семейства *Bromoviridae*, которое включает в себя большое количество морфологически схожих вирусов с очень широким перекрывающимся спектром хозяев. Отсюда ясно, что выделение вируса из растения обычным методом заражения и накопления имеет высокий риск загрязнения другими схожими видами. YBK принадлежит к не столь многочисленному семейству *Potyviridae*, однако получение специфических антител к нему является не менее важной задачей из-за того, что YBK плохо накапливается в растении, и получение чистого препарата в количествах, необходимых для иммунизации, затруднено. Вирусы были выделены с помощью ультрацентрифугирования. Вирусный препарат был охарактеризован различными физико-химическими методами. Гены БО (белок оболочки) были амплифицированы с помощью RT-PCR (Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction) для создания с помощью вектора на основе тобамовируса препарата химерных вирусных частиц. Целью данной работы является получение препарата химерных вирусных частиц с помощью тобамовирусного вектора, которые экспонировали бы антигенные детерминанты, идентичные природным BOM и YBK, имея который, можно будет получить специфические антитела к данным вирусам.

Экспрессия хитиназоподобных генов в стеблях разных подвидов льна.

Галиновский Д.В.^{А, В*}, Подвицкий Т.А.^С, Хотылева Л.В.^А, Кильчевский А.В.^А

^АИнститут генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

*Email: galinousky@gmail.com

^ВБелорусский государственный университет, Минск, Беларусь

^СКельнский университет, Кельн, Германия

Группа хитиназоподобных генов привлекает к себе внимание в связи с возможным участием в биогенезе клеточной стенки. В геноме льна культурного идентифицировано 37 последовательностей генов, которые имеют в своем составе Pfam 00182 домен и могут быть отнесены к хитиназоподобным генам. В данной работе оценили экспрессию хитиназоподобных генов в трех подвидах льна культурного – в льне-долгунце, льне межеумке и льне прыгунце. Методом количественной ПЦР проанализированы лен-долгунец и лен прыгунец, а для льна межеумка проанализированы данные РНК секвенирования. При выравнивании и последующем бионформатическом анализе сырых данных РНК-секвенирования проекта PRJNA251268 были получены транскриптомы флоэмы и ксилемы трех фрагментов (верхушка, средняя часть и основание) стебля льна межеумка (сорт Bethune). По результатам анализа представленности транскриптов *Ctl*-генов в собранных транскриптомах установили, что большинство *Ctl*-генов не экспрессируется или экспрессируется на очень низком уровне как во флоэме, так и в