

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

ксилеме. При этом несколько генов имеют достаточно высокий уровень экспрессии – *Ctl1*, *Ctl2*, *Ctl4*, *Ctl5*, *Ctl10*, *Ctl15* и *Ctl21*, среди которых особо выделяются гены *Ctl1*, *Ctl2*, *Ctl4*, *Ctl5*. В зрелых волокнах флоэмы отмечена экспрессия генов *Ctl10* и *Ctl21*, которую не детектировали в ксилеме. Методом количественной ПЦР с обратной транскрипцией оценили экспрессию шести *Ctl*-генов (*Ctl1*, *Ctl11*, *Ctl19*, *Ctl21*, *Ctl23* и *Ctl24*) в стебле еще двух подвидов льна – льна-долгунца (сорт Блакiт) и льна-прыгунца. Среди данных хитиназоподобных генов в стеблях трех изученных подвидов по уровню представленности транскриптов преобладает ген *Ctl1*. Кроме того, установлено, что гены *Ctl19* и *Ctl21* по-разному функционируют в стеблях трех подвидов льна. В стеблях льна-долгунца функционируют оба гена из двух указанных, в стеблях льна межулка – *Ctl21*, а в стеблях льна-прыгунца и *Ctl19*, и *Ctl21* имеют очень низкий уровень экспрессии. Мы полагаем, что гены *Ctl19* и *Ctl21* могут рассматриваться как потенциальные кандидаты, влияющие на качество формируемого льноволокна. Работа выполнена при финансовой поддержке БРФФИ (договор Б16К-098)

Экспериментальное преобразование геномов хлебных злаков для повышения продуктивности растений

Гордей И.А.*, Люсиков О.М., Гордей И.С., Шимко В.Е.

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

*Email: I.Gordej@igc.by

Экспериментальное преобразование геномов растений на основе инбридинга, полиплоидии и межвидовых интрогрессий является важнейшей проблемой современной генетики и позволяет решать важные задачи практической селекции – перенос блоков скоординированно работающих на признак генов для предотвращения «генетической эрозии» и повышения продуктивности растений. В работе использовали коммерческие сорта и гибриды диплоидной ржи и созданные на их основе путем скрещиваний с источником генов самофертильности (sf) самофертильные линии, маркированные по S(1R)-, Z(2R)- и T(1R)-локусам совместимости с помощью молекулярных SSR- и STS-маркеров. Путем парных скрещиваний выявляли закрепители стерильности ($N_{/}^{rf}$) и восстановители фертильности ($N_{/}^{Rf}$). С использованием MC-линий на основе ЦМС P- и G-типов, закрепителей стерильности и восстановителей фертильности создавали компоненты генетической системы ЦМС для селекции гибридных сортов. Новые формы тетраплоидной ржи получали на данном материале высокоэффективным методом зиготической (первое деление зиготы) полиплоидизации закисью азота (N_2O) под давлением (выход тетраплоидов до 85,7%, в среднем 43,5%). Проводили цитологическую идентификацию созданных тетраплоидов, молекулярно-генетическое маркирование хозяйственно-ценных генов, оценку по комплексу признаков и включали в селекционный процесс. По результатам исследований совместно с НИПЦ НАН Беларуси по земледелию создан и районирован в Беларуси первый отечественный линейно-популяционный гибридный сорт озимой ржи Плиса F₁, проходит ГСИ сорт озимой тетраплоидной ржи Камея 16, получен оригинальный генофонд перспективных образцов). Сорта и линии тетраплоидной ржи использовали в качестве исходного материала в скрещиваниях с гексаплоидными тритикале с целью синтеза нового типа ржано-пшеничных амфидиплоидов с цитоплазмой ржи (секалотритикум, $S_{/}^{RRAABB}$, $2n = 6x = 42$). Тритикале