

**СОДЕРЖАНИЕ / CONTENTS**

	стр. / page
<b>Устные сообщения / Oral presentations</b>	<b>10</b>
<b>Секция 1 / Session 1</b>	<b>13</b>
<b>Секция 2 / Session 2</b>	<b>31</b>
<b>Секция 3 / Session 3</b>	<b>47</b>
<b>Секция 4 / Session 4</b>	<b>57</b>
<b>Секция 5 / Session 5</b>	<b>75</b>
<b>Стендовые сообщения / Poster presentations</b>	<b>87</b>
<b>Секция 1 / Session 1</b>	<b>88</b>
<b>Секция 2 / Session 2</b>	<b>106</b>
<b>Секция 3 / Session 3</b>	<b>130</b>
<b>Секция 4 / Session 4</b>	<b>154</b>
<b>Секция 5 / Session 5</b>	<b>182</b>
<b>Список участников / List of Participants</b>	<b>196</b>

10000.00 тенге за книгу  
381 л. формат А5, 25 л. карт. 85 г. (19×29) атамбұл тапар  
58 плакаттар 06 жылда

**ТЕЗИСЫ**  
**11-й КОНФЕРЕНЦИИ**  
**ЕВРОПЕЙСКОГО ОБЩЕСТВА**  
**ПО АНЕУПЛОИДАМ ПШЕНИЦЫ,**  
**посвященной памяти О.И.МАЙСТРЕНКО**  
**24–28 июля 2000 г., Новосибирск, Россия**



**NOVOSIBIRSK 2000**

**ABSTRACTS**

**OF THE 11<sup>th</sup> EWAC CONFERENCE**  
**dedicated to the memory of O.I.MAYSTRENKO**  
**24–28, July, 2000, Novosibirsk, Russia**

**Организационный комитет:**

**Председатель:** В.К.Шумный

**Секретарь:** Т.А.Пшеничникова

Г.Н.Киселева

Л.И.Лайкова

Т.Т.Ефремова

В.С.Арбузова

Л.А.Першина

О.П.Попова

Е.А.Боровских

А.Ю.Дудников

С.С.Ибрагимова

Л.А.Колесникова

**Спонсоры:**

Институт цитологии и генетики СО РАН

Российский фонд фундаментальных исследований

Международный центр по улучшению кукурузы и пшеницы (Мексика)

Оргкомитет выражает признательность В.М.Чекурову

*Представленные авторами материалы подвергнуты минимальной редакционной правке*

**RUSSIAN ACADEMY OF SCIENCES**  
**SIBERIAN BRANCH**  
**INSTITUTE OF CYTOLOGY AND GENETICS**

**A B S T R A C T S**

**of the 11<sup>th</sup> EWAC Conference**

**dedicated to the memory of**

**O.I.Maystrenko**

**24–28 July 2000**

**Novosibirsk, Russia**

**Local Organizing Committee:**

**Chairman:** V.K.Shumny

**Secretary:** T.A.Pshenichnikova

G.N.Kiseleva

L.I.Laikova

T.T.Efremova

V.S.Arbuszova

L.A.Pershina

O.P.Popova

E.A.Borovskikh

A.Ju.Dudnikov

S.S.Ibragimova

L.A.Kolesnikova

**Sponsorship:**

Institute of Cytology and Genetics SB RAS

Russian Foundation for Basic Sciences

CYMMIT (International Center for Wheat and Maize Improvement)

Organizing Committee is thankful for V.M.Chekurov

**Disclaimer**

*All the material herein presented was accepted for publication on an "as is" basis with minor revisions introduced by the staff of the Editorial Department of the Institute of Cytology and Genetics. The pieces of writing in English are the respective authors' liability.*



**Ольга Ивановна Майстренко**  
**Olga Ivanovna Maystrenko**  
**1923–1999**

О.И.Майстренко родилась 5 июля 1923 года в г.Орске в семье украинских крестьян, переехавших на Южный Урал в начале века. После окончания школы в г.Самарканде (Узбекистан) она в 1942 году поступила в Сельскохозяйственную академию им. К.Тимирязева в Москве. Ольга Ивановна училась на отделении селекции и семеноводства факультета растениеводства. По окончании Академии в 1947 году О.И.Майстренко была распределена в Киргизию на селекционную станцию, где занималась селекцией ярового и озимого ячменя. В сохранившихся характеристиках того времени отмечаются такие ее качества как скрупулезность, точность, наблюдательность – черты, впоследствии ставшие необходимыми для успешной научной работы.

В 1950 году О.И.Майстренко поступила в аспирантуру Всесоюзного института растениеводства (ВИР) в Ленинграде и в 1954 году получила степень кандидата наук за исследовательскую работу по селекции озимого ячменя в Киргизии. В эти годы она стала работать с пшеницей, сначала в Киргизии, а затем в г.Свердловске, где руководила лабораторией злаковых культур в местном отделении ВИРа (1951–1960 гг.). Здесь работа О.И.Майстренко была связана с сортопытанием отечественных и зарубежных образцов пшеницы, отсюда – непревзойденное знание Ольгой Ивановной морфологических и физиологических свойств и родословных многих сортов.

После создания в г.Новосибирске Сибирского отделения Академии наук СССР, в 1960 году Ольга Ивановна пришла в Институт цитологии и генетики. В те годы генетика в СССР переживала не лучшие времена, однако работа в новом научном учреждении вдали от столицы давала простор научной мысли и творческую свободу. Здесь О.И.Майстренко познакомилась с цитогенетическими исследованиями Э.Сирса и впервые в СССР начала работы по созданию цитогенетических коллекций пшеницы. Эта длительная и трудоемкая работа с привлечением сразу двух сортов с контрастными свойствами проводилась одновременно в Новосибирске и Ташкенте (Узбекистан). Таким образом, к середине 70-х годов были созданы наборы моносомных, дителосомных и монотелосомных линий по сортам Диамант и Саратовская 29. В 1968 году Ольга Ивановна вместе с другими создателями нового генетического материала у мягкой пшеницы, участвовала в организации European Wheat Aneuploid Co-operative (EWAC).

Далее началась работа по созданию разнообразных наборов межсортовых и чужеродных замещенных линий пшеницы, число которых ныне более 100. Одновременно с созданием коллекции были получены и существенные научные результаты, обобщенные в монографии «Цитогенетическое изучение анеуплоидов мягкой пшеницы» (1973). По мере создания весь генетический материал вовлекался в исследования различных хозяйственных признаков, таких как продуктивность, устойчивость к засухе, холоду и дефициту минеральных элементов, качество зерна и белковость. В 90-е годы под руко-

минеральных элементов, качество зерна и белковость. В 90-е годы под руководством Ольги Ивановны выполнены исследования по хромосомной локализации 20 генов морфологических и физиологических признаков мягкой пшеницы.

На протяжении 30 лет О.И.Майстренко руководила лабораторией генетики пшеницы Института цитологии и генетики СО РАН. Признанием ее научного авторитета являлось включение ее в состав общественных научных организаций. Ольга Ивановна была членом Президиума Сибирского отделения Всесоюзного общества генетиков и селекционеров, членом Проблемного совета по генетике и селекции при АН СССР, неоднократно избиралась в состав оргкомитетов симпозиумов и конференций. Ольга Ивановна воспитала многих учеников, которые сейчас работают в бывших республиках СССР – Казахстане, Киргизии, Азербайджане.

O.I. Maystrenko was born in Orsk on July 5, 1923 in a family of Ukrainian farmers, who had moved to the Urals in the beginning of the XX century. She finished school in Samarkand (Uzbekistan) and was a 1947 graduate of the Timiryazev Agricultural Academy in breeding and seed multiplication. Upon graduation, she was appointed a spring and winter barley breeder at a breeding station in Kirgiziya. The records that date back to those years are eloquent of her having had a reputation for being accurate and sensible, the qualities later to become essential for successful scientific work.

In 1950 she took a post-graduate course at the All-Union Institute of Plant Breeding, Leningrad, and earned in 1954 a philosophy degree for a winter barley breeding study in Kirgizia. At that time she began to look at wheat, first in Kirgiziya and later in Sverdlovsk (Middle Urals), where she took on the position of head of the Cereals Laboratory in the local affiliation of All-Union Institute of Plant Breeding (1951–1960). Field tests of Russian and foreign wheats, whence came her excellent knowledge of the morphology, physiology and pedigrees of many cultivars, were her responsibility.

After the foundation of the Siberian Division of the USSR Academy of Sciences in Novosibirsk in 1960, she came to the Institute of Cytology and Genetics. The early 1960s were by far not the best years for genetics in the USSR, but Novosibirsk had the advantage that it is a long way from Moscow and thus provided room and freedom for scientific thought. She learned about Dr. E.Sears and became one of the first Soviet scientists to develop cytogenetic collections of wheat. She persevered in working on two cultivars at a time, contrasting by their traits, in Novosibirsk and Tashkent (Uzbekistan). Collections of monosomic, ditelosomic and monotelosomic lines had been created by the middle of the 1970s for the cultivars Diamant and Saratovskaya 29. In 1968, she participated in the

*organisation of the European Wheat Aneuploid Co-operative together with other developers of novel common wheat genetic material.*

*Then it came to the development of sets of intervarietal and alien substitution lines of wheat, now in excess of 100. As the work was in progress, essential scientific results were obtained and presented in the monograph "Aneuploids of Common Wheat" (1973). The newly created genetic material would be immediately brought to the study of traits of economic value, such as productivity, draught and cold resistance, tolerance to mineral deficiency, grain quality and protein content. In the 1990s she guided research into the chromosomal localisation of 20 genes for morphological and physiological characters of common wheat.*

*For 30 years was she in charge of the Laboratory of Wheat Genetics of the Institute of Cytology and Genetics, SB RAS. She was known for her membership in various non-profit-making organisations, the Presidium of the Siberian Branch of the All-Union Society of Geneticists and Breeders, the Task Force of Genetics and Breeding at the USSR Academy of Sciences, the organising committees of many symposia and conferences. She is survived by many pupils in the FSU countries Kazakhstan, Kyrgyzstan, Azerbaydzhan.*

She has now passed away, but her legacy will live on through the work of those who have been inspired by her vision and dedication to the improvement of wheat varieties. Her contributions to the field of wheat genetics and breeding have been recognised by the International Society for Crop Science (ISCR) which awarded her the Crop Science Award in 1998. She was also elected a fellow of the Royal Society of Edinburgh in 1999. She will be missed by all who knew her, and her memory will live on through the work of the many breeders and scientists who have been inspired by her work and her vision. She will be remembered as a true pioneer in the field of wheat genetics and breeding, and her legacy will continue to inspire and guide future generations of researchers and breeders.

**"Ломоть хорошо выпеченного хлеба –**

***высшее достижение человеческого ума"***

K.A. Тимирязев

**"Once, at their best,**

***humankind first baked a round of bread"***

K.A. Timiriazev,  
an outstanding Russian plant physiologist

За 30 лет до конца XIX века в России было выработано 100 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба. В это время в Европе было 10 видов хлеба.

## УСТНЫЕ СООБЩЕНИЯ

## ORAL PRESENTATIONS

"Бюджетные и налоговые аспекты  
использования АИ"

участник АИ  
представляет бюджетные аспекты

## ИСТОРИЯ ЕВРОПЕЙСКОЙ ПРОГРАММЫ ИЗУЧЕНИЯ АНЕУПЛОИДОВ ПШЕНИЦЫ (EWAC) И УЧАСТИЕ В НЕЙ ОЛЬГИ ИВАНОВНЫ МАЙСТРЕНКО

Ворланд Э.Дж.

John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, England

Пионерская работа проф. Эрни Сирса впервые продемонстрировала миру, какой положительный эффект может оказать использование анеуплоидов в научных и селекционных исследованиях мягкой пшеницы. Сирс смог выделить полные серии анеуплоидов у сорта «Чайниз Спринг» и использовать их в генетическом анализе. Было продемонстрировано, что анеуплоиды, включая моносомиков ( $2n=6x-1$ ), могут быть также созданы для других сортов с помощью беккроссирования, и это позволило осуществить идеи Сирса на местных сортах пшеницы. Эти идеи получили дальнейшее развитие, когда было показано, что индивидуальные хромосомы сорта-донора могут быть перенесены в интактном виде к моносомику-реципиенту с помощью беккроссирования. Таким способом создавались цитогенетические коллекции, известные как линии с межсортовым замещением хромосом.

Поскольку создание анеуплоидов и их использование в генетическом анализе очень трудоемко и требует больших временных затрат, Райли и Ло (1966) предложили создать неофициальную организацию, известную как EWAC, для координации европейских исследований, посвященных созданию и использованию анеуплоидов пшеницы.

Первая организационная встреча EWAC, проведенная в Кэмбридже (Англия) в 1967 г., определила направления для начала успешного сотрудничества ученых всей Европы, занимающихся цитогенетикой пшеницы. EWAC также установил связи с цитогенетиками по всему миру для обмена линиями и информацией.

Историческим соглашением первой встречи EWAC стало решение разделить Европу на четыре основные географические зоны и создать моносомные серии для ключевого сорта, типичного для данной зоны. Впоследствии реципрокные межсортовые замещенные серии должны были быть созданы между четырьмя ключевыми сортами. Дополнительно предполагалось создать моносомные серии для сортов, адаптированных к местным условиям в каждом регионе, и включить их в основную программу EWAC. Созданный цитогенетический материал должен был впоследствии использоваться для изучения генетического контроля количественных и качественных признаков пшеницы.

За 33 года, прошедших с момента создания EWAC, получено много достижений, хотя, к сожалению, изначальная программа по созданию реципрокных межсортовых замещений не была завершена всеми партнерами. Произошел обмен цитогенетическими коллекциями; их создание и экспериментальное исследование привело к огромным успехам в изучении генетики пшеницы, часть которых будет представлена в данном сообщении.

## THE EUROPEAN WHEAT ANEUPLOID CO-OPERATIVE. ITS HISTORY AND THE INVOLVEMENT OF PROFESSOR OLGA MAYSTRENKO

*Worland, A.J.*

John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, England

The pioneering work of Professor Ernie Sears first alerted the world to the benefits of using aneuploids to improve research and breeding investigations on bread wheat. Sears was able to isolate a complete series of aneuploids in the variety Chinese Spring and to employ them in genetic analysis. The demonstration that aneuploids, including monosomics ( $2n=6x-41$ ) could be created in additional varieties by backcrossing, permitted the transfer of his ideas to adapted varieties. The ideas were further advanced by demonstrating that individual chromosomes from a donor variety could be backcrossed intact into a recipient monosomic, developing stocks known as intervarietal chromosome substitution lines.

As the development and utilisation of aneuploids in genetic analysis is very laborious and time consuming Riley and Law (1966) proposed that an informal organisation known as the European Wheat Aneuploid Co-operative (EWAC) should be set up to co-ordinate the European development and utilisation of wheat aneuploids.

An inaugural meeting of EWAC held in Cambridge, England 1967 set out the framework for the commencement of a successful collaboration of wheat cytogeneticists throughout Europe. The co-operative also formed links with cytogeneticists worldwide for exchange of stocks and information.

An historical agreement of the first EWAC meeting was to divide Europe into four main geographical areas and to develop a monosomic series from a key variety typical of each region. Subsequently reciprocal intervarietal substitution series would be developed between the four key varieties. Additional monosomic series in locally adapted varieties would be developed in each region to link into the main co-operative programme. The developed material would then be used to elucidate the genetic control of quantitative and qualitative characters of wheat.

In the 33 years since EWAC was founded a lot has been achieved although unfortunately the original programme for the development of reciprocal intervarietal substitution series was not completed by all partners. The stocks that have been developed and exchanged for experimentation have led to enormous advances in our knowledge of wheat genetics, a few of which will be described in this presentation.

**Секция 1 / Session 1****КАРТИРОВАНИЕ И СРАВНИТЕЛЬНОЕ КАРТИРОВАНИЕ ГЕНОВ, КОНТРОЛИРУЮЩИХ ВРЕМЯ ЦВЕТЕНИЯ У ПШЕНИЦЫ**

Снэйт Дж.В., Лаури Д.А., Ворланд А.Дж.

John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, UK

Для того чтобы достичь максимальной продуктивности в каких-либо агроклиматических условиях, сорта пшеницы должны иметь соответствующие сроки цветения и продолжительность жизненного цикла, хорошо соответствующую цикличности данной окружающей среды. Это, в свою очередь, требует знания во всех деталях генетического контроля ключевых компонентов жизненного цикла. В данной работе обсуждаются полученные к настоящему времени данные по трем ключевым группам генов, определяющих продолжительность жизненного цикла у пшеницы, а именно, генов, контролирующих отзывчивость на яровизацию, реакцию на фотопериод и скорость развития («скороспелость *per se*», гены *Eps*). Также обсуждается, как наше умение проводить сравнительное картирование этих генов у видов *Triticeae* и у риса позволяет выявлять новые гены, которые предстоит обнаружить у пшеницы, а также позволяет выработать стратегию для клонирования *Vrn* и *Ppd* генов с использованием «молекулярных инструментов», разработанных у риса.

Главные гены, контролирующие отзывчивость на яровизацию (локусы *Vrn-1*), в настоящее время локализованы, как генетически, так и физически, в длинных плечах хромосом пятой гомеологической группы. Генетическое картирование показывает, что эти гены из трех геномов гомеологичны друг другу, а также генам отзывчивости на яровизацию, находящимся в хромосомах 5Н ячменя и 5R ржи. С помощью RFLP проб риса и популяции этого вида, используемой для картирования, было показано, что район, гомеологичный району *Vrn-1* у *Triticeae*, существует в третьей хромосоме риса. Физическая локализация генов *Vrn-1* была установлена с использованием серии линий сорта «Чайниз Спринг» с делециями, созданной Гиллом и Эндо. Сравнительный анализ с ячменем показывает, что другая серия генов отзывчивости на яровизацию (локусы *Vrn-2*) может присутствовать в хромосомах четвертой гомеологической группы (4B, 4D, 5A), и работы по генетическому картированию *Triticum monococcum* это подтверждают.

Главные гены, контролирующие реакцию на фотопериод у пшеницы, гены *Ppd-1* локализованы в хромосомах второй гомеологической группы, и они гомеологичны гену, находящемуся в хромосоме 2Н ячменя. Генетическое картирование у ячменя также выявляет наличие гена реакции на фотопериод в хромосоме 1Н, свидетельствуя, что должна существовать гомеологичная серия в хромосомах первой гомеологической группы у пшеницы.

У пшеницы было локализовано лишь несколько генов «скороспелости *per se*» в хромосомах второй и третьей гомеологических групп. Однако у ячменя все хромосомы несут такие локусы, тем самым показывая, что еще предстоит обнаружить серии локусов, влияющих на скорость развития независимо от условий среды. Сравнительные исследования показывают, что всего существует, по-видимому, около 25 локусов, контролирующих продолжительность жизненного цикла, гены *Vrn*, *Ppd* и *Eps*, которые еще предстоит картировать у пшеницы.

Хотя сейчас многое известно о генетике цветения, гораздо меньше информации о том, как генетическая изменчивость различных локусов *Vrn*, *Ppd* и *Eps*, влияет на фенологию пшеницы. В настоящее время такие исследования начинают проводиться, и успехи в проведении физиологических исследований совместно с генетическими работами обсуждаются в данном сообщении.

## MAPPING AND COMPARATIVE MAPPING OF FLOWERING TIME GENES IN WHEAT

*Snape, J.W., Laurie, D.A., Worland, A.J.*

John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, UK

To maximise yield potential in any environment, wheat cultivars must have an appropriate flowering time and life cycle duration which "fine-tunes" the life cycle to the target environment. This, in turn, requires a detailed knowledge of the genetical control of the key components of the life cycle. This paper discusses our current knowledge of the genetical control of the three key groups of genes controlling life-cycle duration in wheat, namely those controlling vernalization response, photoperiod response and developmental rate ("earliness *per se*", *Eps* genes). It also discusses how our ability to carry out comparative mapping of these genes across *Triticeae* species, and to rice, is indicating new target genes for discovery in wheat, and also may provide a strategy for cloning *Vrn* and *Ppd* genes using rice "molecular tools".

The major genes controlling vernalization response (the *Vrn-1* loci) have now been located both genetically and physically on the long arms of the homoeologous group five chromosomes. Genetical mapping shows that these genes are homoeologous to each other across the three genomes, and to the vernalization genes on chromosomes 5H of barley and 5R of rye. By using rice RFLP probes and a rice mapping population it was shown that a region homoeologous to the *Triticeae Vrn-1* region exists on rice chromosome 3. The physical locations of the *Vrn-1* genes was established using the Chinese Spring series deletion lines developed by Gill and Endo. Comparative analysis with barley also indicates that another series of vernalization response genes (the *Vrn-2* loci) may exist on chromosomes of homoeologous group 4 (4B, 4D, 5A), and mapping studies in *Triticum monococcum* support this.

The major genes controlling photoperiod response in wheat, the *Ppd-1* genes, are located on the homoeologous group 2 chromosomes, and are homoeologous to a gene on barley chromosome 2H. Mapping in barley also indicates a photoperiod response locus on barley 1H, indicating that a homoeologous series should exist on wheat group 1 chromosomes.

In wheat, only a few "earliness *per se*" loci have been located, such as on chromosomes of homoeologous groups 2 and 3. However, in barley, all chromosomes appear to carry such loci, indicating that a series of loci that affect developmental rate, independent of environment, remain to be discovered. Overall, comparative studies indicate that there are probably twenty-five loci, controlling the duration of the life-cycle, *Vrn*, *Ppd* and *Eps* genes, that remain to be mapped in wheat.

Although much is now known about the genetics of flowering, less is known about how genetic variation at the different *Vrn*, *Ppd* and *Eps* loci affect the phenology of wheat. This is now starting to be addressed, and progress in combining physiological studies with genetical studies is discussed.

## ЗНАЧЕНИЕ АНЕУПЛОИДОВ ЗЛАКОВ ДЛЯ СРАВНИТЕЛЬНОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО КАРТИРОВАНИЯ

Бёрнер А.1, Корзун В.1, 2

<sup>1</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Germany;

<sup>2</sup> Current address: Lochow-Petkus GmbH, PF 1197, D-29296 Bergen, Germany

С тех пор как на основе молекулярных маркеров были созданы генетические карты основных видов культурных злаков, много усилий было потрачено на точное картирование генных локусов. Эффективность картирования генов очень существенно зависит от наличия информации об их хромосомной локализации. Публикация в 1954 году выдающейся работы Э.Р.Сирса «Анеуплоиды мягкой пшеницы» положила начало хромосомной локализации многих генов и генных комплексов с помощью анализа цитогенетических коллекций. Располагая такой информацией для мягкой пшеницы можно было, например, сосредоточиться на генетическом картировании какой-либо одной из 21 хромосомы. Дальнейший прогресс был связан с открытием высокой степени коллинеарности среди видов злаков (Moore et al., 1995). Эволюционный консерватизм хромосом злаков находит отражение в расположении на генетических картах молекулярных маркеров и генных локусов. Локализация генов у какого-либо вида может быть быстро проведена, если уже известна хромосомная локализация ортологичных генов или их расположение на генетической карте у родственного вида. При этом надо принимать во внимание межвидовые различия связанные с транслокациями. В данной работе мы приводим данные по генетическому картированию, с использованием молекулярных маркеров, главных генов определяющих морфологические и хозяйственно-ценные признаки пшеницы, ржи и ячменя. Основой для этого картирования послужила информация полученная ранее методами анеуплоидного анализа, а также существование коллинеарности.

### Литература

- Moore G, Devos KM, Wang Z, Gale MD (1995) Grasses, line up and form a circle. *Current Biology* 5: 737-739.  
Sears ER (1954) The aneuploids of common wheat. *University of Missouri Agricultural Experiment Station Research Bulletin* 572: 59 pp.

## THE IMPORTANCE OF CEREAL ANEUPLOIDS FOR COMPARATIVE GENE MAPPING

Börner, A.<sup>1</sup>, Korzun, V.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Germany;

<sup>2</sup> Current address: Lochow-Petkus GmbH, PF 1197, D-29296 Bergen, Germany

Since molecular maps have been developed for the main cereal species much efforts have been made on precise mapping of gene loci. The efficiency of gene tagging depends very much on the availability of previous information about the chromosomal location. Initiated by the outstanding paper "The aneuploids of common wheat" of E.R.Sears published in 1954 (Sears, 1954) many genes or gene complexes could be associated to certain chromosomes by analysing cytogenetic stocks. Having that information available in hexaploid wheat for example the mapping work could be concentrated on one out of twenty-one chromosomes only. Further progress came along with the detection of the high degree of collinearity within the grasses (Moore et al., 1995). The evolutionary conservation of cereal chromosomes includes the map positions of cross-hybridising probes and gene loci. Gene location in one species can be carried out rapidly, if information about the chromosomal location or mapping position in related species is already known and transferable. Existing translocation differences between the species have to be considered. In our presentation we describe the molecular mapping of major genes determining morphological and agronomically important traits in wheat, rye and barley based on the knowledge of former aneuploid research and existing collinearity.

### References

- Moore G, Devos KM, Wang Z, Gale MD (1995) Grasses, line up and form a circle. *Current Biology* 5: 737-739.  
 Sears ER (1954) The aneuploids of common wheat. University of Missouri Agricultural Experiment Station Research Bulletin 572: 59 pp.

Although much is now known about the biology of aneuploids in flowering plants it is known much less about their influence on the different traits. This and further effects the breeding of wheat. Only a few studies seem to be addressed at the moment in combining cytogenetic and molecular techniques and little is discussed.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ АНЕУПЛОИДНЫХ ЛИНИЙ ДЛЯ ХРОМОСОМНОЙ ЛОКАЛИЗАЦИИ И КАРТИРОВАНИЯ ГЕНОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ЕЁ СОРОДИЧЕЙ

**Майстренко О.И., Лайкова Л.И., Ефремова Т.Т., Арбузова В.С., Попова О.М.**

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Исследования по цитогенетике мягкой пшеницы, в основе которых лежат работы проф. Э.Сирса (Sears, 1954), позволили проводить хромосомную локализацию и картирование генов, а также осуществлять хромосомную инженерию путем замещения или добавления определенных хромосом не только в пределах вида мягкой пшеницы, но отдаленных и родственных ей видов. Для проведения этих исследований в данной работе использовали моносомные и дителосомные линии сортов Chinese Spring, Саратовская 29 (C29) (Майстренко, 1973; Лайкова и др., 1988), набор линий с межсортовым и чужеродным (пшеница/ржь) замещением определенных хромосом, а также почти изогенные линии по сорту C29 (Arbuzova et al., 1996; Efremova et al., 1996).

Важным направлением наших исследований является генетический анализ, в котором выявляются гены, контролирующие образ жизни и время колошения. Майстренко (1991) показано наличие в локусе *Vrn2* двух аллелей *Vrn2a* и *Vrn2b*. Для изучения множественного аллелизма гена *Vrn2* создаются линии озимой пшеницы сорта Sava с межсортовым замещением хромосом 5B от сортов C29 и Диамант (Дм). Анализ самоопыленного потомства моносомных растений BC3 показал, что линия Sava/C29 5B, носитель аллеля *Vrn2a*, на 6–9 дней, выколашилась раньше, чем Sava/Дм 5B с аллелем *Vrn2b*, что подтверждает данные, полученные при изучении линий пшеницы C29 с межсортовым и чужеродным замещением хромосомы 5A. Изучено наследование типа развития у гексаплоидных пшениц *T.petropavlovskiyi* Udacz. et Migusch. и *T.sphaerococcum* Pers. У этих видов показано присутствие доминантных локусов, аллельных *Vrn1–4* мягкой пшенице. У образца *T.petropavlovskiyi* выявлена слабая экспрессия гена *Vrn1*, вызывающая удлинение времени колошения и сильную реакцию на яровизацию. Изученные образцы *T.sphaesococcum* являются носителями гена *Vrn4*, редкого для мягкой пшеницы.

Нами применен комплекс цитогенетических методов для генетического изучения главных морфологических генов (Gross Morphology), имеющих таксономическое значение в роде *Triticum* L. Показано, что *T.petropavlovskiyi* имеет видоспецифичный ген *P* или *Eg* (удлиненной цветковой чешуи), неаллельный гену *Eg* тетрапloidного вида *T.polonicum* L., ранее локализованный в хромосоме 7A<sub>L</sub>. Выполнен сравнительный генетический анализ гексаплоидных пшениц *T.petropavlovskiyi* и *T.aestivum* по 11 признакам, определяющим морфологические характеристики и физиологические свойства. Изучены аллельные взаимодействия мутантных генов *S1*, *S2*, *S3* мягкой пшеницы и гена *s1* *T.sphaerococcum*, имеющие сходное влияние на комплекс морфологических признаков. Идентифицированы два независимо наследуемых генетических фактора, влияющие на признаки колоса, сходные с действием гена *C*.

Для более эффективного и точного замещения хромосом, а также для визуального выделения моносомных растений нами созданы моносомные линии сорта C29 с генами *Hg*, *Bg*, *Hl*, *Pa*, *S1*, *S2*, *S3*, *Hp*, *W1* и др., маркирующими хромосомы 1A, 4B, 3D, 3B, 3A, 5A, 5D, 2B соответственно.

## USES OF ANEUPLOID LINES IN CHROMOSOMAL LOCALISATION AND MAPPING OF THE GENES OF COMMON WHEAT AND ITS RELATED SPECIES

***Maystrenko O.I., Laykova L.I., Efremova T.T., Arbuzova V.S., Popova O.M.***

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Cytogenetic studies of common wheat, pioneered by Professor E. Sears (Sears, 1954), allowed chromosomal localisation and mapping of genes, and chromosome engineering by replacing or adding chromosomes not only within a common wheat species, but also in its distant and related species. For this purpose, we used monosomic and ditelosomic lines of Chinese Spring, Saratovskaya 29 (S29) (Maystrenko, 1973; Laykova et al., 1988), a set of lines with intervarietal and alien (wheat/rye) replacement of chromosomes, and a nearly isogenic lines for S29 (Arbuzova et al., 1996; Efremova et al., 1996).

An important direction in our research is genetic analysis, by which genes responsible for response to vernalisation and ear emergence time are revealed. Maystrenko (1991) demonstrated that there are two alleles, *Vrn2a* and *Vrn2b*, for the *Vrn2* locus. For studying the multiple allelism of the *Vrn2* gene, lines of the winter rye Sava are being developed with chromosomes 5B replaced by those from S29 and Diamant (Dm). Analysis of the self-pollinated progeny of BC3 monosomic plants showed that the Sava/C29 5B line, carrier of the *Vrn2a* allele ears 6–9 days earlier than Sava/Dm 5B with the *Vrn2b* allele, which provides support to data on S29 lines with intervarietal and alien replacements of chromosomes 5A. The spring/winter type of development was studied in the hexaploid wheats *T.petropavlovskyi* Udacz. et Migusch. and *T.sphaesococcum* Pers. As has been demonstrated, these species carry dominant loci allelic to *Vrn1–4* in common wheat. In *T.petropavlovskyi* weak expression of *Vrn1* causing longer ear emergence times and a strong response to vernalisation, was revealed. The *T.sphaesococcum* plants studied are carriers of the *Vrn4* gene, a rare occurrence in common wheat.

We applied a complex of cytogenetic techniques for genetic study of the gross morphology genes that are of taxonomic value in the genus *Triticum* L. It has been shown that *T.petropavlovskyi* carries a species specific gene *P* or *Eg* (elongated glume), non-allelic to the *Eg* gene of the tetraploid *T.polonicum* L., earlier localised in chromosome 7AL. A comparative genetic analysis was performed on hexaploid wheats *T.petropavlovskyi* and *T.aestivum* for 11 characters, determining morphological features and physiological properties. We have also studied the allelic relationships between the mutant genes, *S1*, *S2*, *S3*, of common wheat, and *s1* of *T.sphaesococcum*, similarly affecting the complex of morphological characters. We have identified two independently inherited genetic factors affecting spike characters much as the *C* gene does.

For a well-targeted chromosome substitution, and for visual control of monosomic plants, we have developed monosomic lines for S29 with the *Hg*, *Bg*, *Hl*, *Pa*, *S1*, *S2*, *S3*, *Hp*, *W1I*, and other genes marking chromosomes 1A, 4B, 3D, 3B, 3A, 5A, 5D, and 2B, respectively.

## АНЕУПЛОИДИЯ В СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ ПШЕНИЦЫ

Шулембаева К.К.

Казахский Государственный Национальный Университет им. Аль-Фараби, Казахстан

Анеупloidные линии необходимы для более глубокого генетического изучения лучших сортов, имеющих производственное распространение, и для повышения эффективности селекционного процесса. В связи с этим в Университете проводится цикл важных исследований, направленных на локализацию генов, контролирующих качественные и количественные признаки пшеницы (высота растений, устойчивость к ржавчине, головневым болезням, гибридный некроз, длина вегетационного периода и др.). Генетический анализ устойчивости к бурой ржавчине образцов мягкой пшеницы позволил локализовать высокоеффективные гены, определяющие тип реакции «0» и «I». Новые гены устойчивости к бурой ржавчине *Lr38* и *LrZ* локализованы в хромосомах 1B у образцов к-48198 и 964, *LrG* в хромосоме 5A у образца к-45933, а *LrK* и *LrC* – в хромосомах 5A и 2A образца и-398835. Главный ген *Bln4* устойчивости к твердой головне образца 964, локализованный в хромосоме 5A, дает кумулятивный эффект с двумя другими генами *Bln5* и *Bln6*, проявляющими комплементарное взаимодействие.

Высокоеффективные гены устойчивости к бурой ржавчине и твердой головне расширяют генофонд пшеницы для селекции на иммунитет. Определена хромосомная локализация генов гибридного некроза *Nel* и *Ne2*. Ген *Nel* находится в хромосоме 2B сорта Казахстанская 126, а *Ne2* в хромосоме 6D образца к-45933. Образец к-45933 представляет селекционную ценность как носитель признаков короткостебельности, устойчивости к ржавчине. Критическими хромосомами, оказывающими редуцирующий эффект на высоту растения образца к-45933, оказались хромосомы 1A и 4D. Ген хромосомы 1A и 4D у этого образца проявляет наибольший отрицательный эффект, длина стебля его на 29,62 см и на 23,82 см ниже, чем у контрольного гибрида (94,82 см). В результате многолетней работы создан краснозерный замещенный аналог сильной яровой мягкой пшеницы сорта Казахстанская 4. Генотип замещенной линии по типу развития определен как *Vrn1vrn2vrn3*. Ультраскороспелость ее обусловлена геном *Vrn1*, локализованным в 5A хромосоме. Открытие генетических систем, контролирующих реакцию на яровизацию, дает возможность создавать сорта с различным темпом развития путем использования доноров этих генов.

## ANEUPLOIDY IN BREEDING AND GENETICAL RESEARCH OF WHEAT

Shulembaeva, K.K.

Kazakh State National University named after AL-Farabi, Kazakhstan

Aneuploid lines are necessary for more deeper genetical research of the best cultivars, having industrial spreading and for increasing of selectional process effect. According to this, important investigations directed to localize genes, controlling qualitative and quantitative traits of wheat (height of plant, resistance to rust and smut diseases, hybridous necrosis, duration of vegetative period and etc) is being held. Genetical analysis of soft wheat lines (*Triticum aestivum* L) resistance to brown rust allowed to localize highly effective genes, determining the type of reaction "0" and "I". New genes *Lr38* and *LrZ* of resistance to brown rust were localized in chromosomes 1B of lines k-48198 and 964, gene *LrG* was localized in chromosome 5A of line k-45933, and genes *LrK* and *LrC* were localized in chromosome 5A and 2A of line u-398835. The main gene of resistance *Btn4* to slicing smut of line 964 was localized in chromosome 5A, which gives cumulative effect with other two genes *Btn5* and *Btn6*, showing complementary interaction. Highly effective genes of resistance to brown rust and for stinking smut extend genofond of wheat concerning to immunity for selection. Chromosomal localization genes *Nel* and *Ne2* of hybrid necrosis has been determined. Gene *Nel* has been found in chromosome 2B of cultivar Kazakhstanskaya 126, and *Ne2* in chromosome 6D of line k-45933. Line k-45933 is valuable for breeding as a carrier of such kind of traits as dwarf, resistance to rust disease. Chromosomes 1A and 4D have proved to be critical showing reducing effect on plant height of line k-45933. Gene of 1A and 4D chromosomes of this line have shown the most negative effect, the stem length of this line was shorter by 29,62 and 23,82 centimetres than control hybrid (94,82 centimetres).

As the result, the red grain substituted analogue of strong common wheat of cultivar Kazakhstanskaya 4 has been bred. Genotype of substituted line with modified type of development was determined as *Vrn1vrn2vrn3*. Its ultra precocity is caused by gene *Vrn1*, which localized in chromosome 5A. Discovery of genetical systems, controlling reaction to vernalization enables to create sorts with different rates of development by using donors of these genes.

## СОЗДАНИЕ АНЕУПЛОИДНЫХ ЛИНИЙ С ЧУЖЕРОДНЫМИ ПРИЗНАКАМИ В ПОТОМСТВЕ ГИБРИДОВ ОКТОПЛОИДНОГО НПЭА *ELYTRICUM FERTILE* С *TRITICUM AESTIVUM*

Моцный И.И.

Селекционно-генетический институт, Одесса, Украина

*Elytricum fertile* – это неполный амфиплоид ( $2n=56$ ) *Triticum aestivum* L. ( $2n=42$ , AABBDD) с *Elymus sibiricus* L. ( $2n=28$ , SSHH), несущий все хромосомы пшеницы и 14 элимульсных хромосом. Осуществлено скрещивание трех сортов мягкой пшеницы с амфиплоидом, чтобы получить пшенично-элимульсные дополненные и замещенные линии. Гибриды  $F_1$  были самоопылены (под изолятором) и беккроссированы (после кастрации) как амфиплоидом так и пшеницей. Обнаружены различия в интенсивности элиминации чужеродных хромосом как между  $F_2$  и  $BC_1$ , так и между сортами пшеницы. Однако же распределение чисел хромосом в жизнеспособных женских гаметах гибридов  $F_1$  не зависело от рекуррентного родителя (*Elytricum* или сорта пшеницы).

44 хромосомные растения встречались в  $F_2$  с частотой в среднем  $7,2 \pm 0,1\%$ . Среди 12 изученных растений не было дисомно дополненных. Все они оказались димоносомными дополнениями.

43 хромосомные растения наблюдались в среднем с частотой  $15,0 \pm 3,3\%$  в  $BC_1$  ( $F_1 \times T.aestivum$ ) и  $3,3 \pm 0,7\%$  в  $F_2$ . На этих растениях завязалось от 0 до 181 зерновки. Лабораторная всхожесть зерен варьировала от  $31,3 \pm 11,6$  до  $95,0 \pm 4,9\%$  в зависимости от растения (в среднем из 24 растений  $65,0 \pm 2,2\%$ ). Частота 44 хромосомных растений варьировала от  $4,5 \pm 4,4$  до  $28,0 \pm 9,0\%$  в  $BC_1F_2$  и от  $0,0 \pm 3,5$  до  $15,0 \pm 8,0\%$  в  $F_3$  поколении, соответственно (в среднем  $5,9 \pm 1,3\%$ ). Таким образом, интенсивность передачи дополненных чужеродных хромосом (вычисленная из частот 42, 43 и 44 хромосомных растений) через женские гаметы была от 16,7 до 45,3% и через мужские гаметы – от 0,0 до 21,7%, соответственно. Кроме того, в потомстве одного растения ( $2n=42+t_{спутников}$ ) соответствующие частоты составили – 56,8 и 35,2%. Однако, различная жизнеспособность гибридных зигот и зародышей с разными числами хромосом искажает реальные частоты жизнеспособных гамет ( $n=22$ ) с чужеродными хромосомами. Коэффициенты корреляции между завязываемостью или всхожестью зерен и частотами 43 хромосомных растений составили  $r=-0,51^*$  или  $r=-0,59^*$ , соответственно. Следовательно, для того, чтобы вычислить исправленные частоты, необходимо ввести соответствующие коэффициенты зиготного отбора. Кроме того, добавления элимульсных моносомиков (особенно спутниковых телоцентриков) вызывали у хромосом пшеницы склонность к асинапсису (до  $2,07 \pm 0,23\%$ ), также изменения ожидаемые частоты гамет. Хотя добавление дисомиков, а также спутниковой изохромосомы почти не влияло на гомологичную конъюгацию. Фертильность растений ( $2n=44$ ) была различной и варьировала от 0 до 275 зерен на растение в зависимости от комбинации, растения и хромосомы.

Для дальнейших исследований отобраны дополненные ( $2n=43-44$ ) и эуплоидные ( $2n=42$ ) растения, содержащие какие-либо чужеродные признаки (устойчивость к мучнистой росе, листовой или стеблевой ржавчине, толерантность к ВЖКЯ, опушение листа, шероховатость стебля, фиолетовая соломина и др.). Устойчивость к мучнистой росе и толерантность к ВЖКЯ, видимо, требуют, как минимум, две пары элимульсных хромосом для экспрессии признака.

**DEVELOPMENT OF THE ANEUPLOID STOCKS WITH ALIEN TRAITS  
IN PROGENIES OF THE HYBRIDS BETWEEN OCTOPLOID PWEA  
*ELYTRICUM FERTILE* AND *TRITICUM AESTIVUM****Motsny, I.I.*

Plant Breeding and Genetics Institute, Odessa, Ukraine

*Elytricum fertile* is a partial amphiploid ( $2n=56$ ) between *Triticum aestivum* L. ( $2n=42$ , AABBDD) and *Elymus sibiricus* L. ( $2n=28$ , SSHH) carrying all the wheat chromosomes and 14 of the *Elymus* chromosomes. Three bread wheat cultivars were crossed to the amphiploid to produce wheat-*Elymus* chromosome addition and substitution stocks. The  $F_1$  hybrids were self-pollinated (by bagging) and backcrossed (after emasculation) to both the amphiploid and wheat cultivars. The differences in intensity of the alien chromosome elimination were found between  $F_2$  and  $BC_1$  as well as wheat cv. genotypes. But the chromosome number distribution in viable female gametes of  $F_1$  hybrids did not depend on the recurrent parent (*Elytricum* vs. wheat cvs).

44 chromosome plants were found at the frequency of  $7,2 \pm 0,1\%$  an average in  $F_2$ . Among twelve plants studied there were no disomic additions. All of them appeared to be double monosomic additions.

43 chromosome plants were observed an average at the frequency of  $15,0 \pm 3,3\%$  in  $BC_1$  ( $F_1 \times T. aestivum$ ) and of  $3,3 \pm 0,7\%$  in  $F_2$ . From 0 to 181 seeds per a plant were set. The seed germination (in Petri dishes) ranged from  $31,0 \pm 11,6$  to  $95,0 \pm 4,9\%$  depending on the plant (an average  $65,0 \pm 2,2\%$  of twenty four plants). The frequency of plants ( $2n=44$ ) ranged from  $4,5 \pm 4,4$  to  $28,0 \pm 9,0\%$  in  $BC_1 F_2$  and from  $0,0 \pm 3,5$  to  $15,0 \pm 8,0\%$  in  $F_3$  generation, respectively (an average  $5,0 \pm 1,3\%$ ). Thus, the intensity of transmission of added alien chromosomes (estimated from the frequencies of 42, 43 and 44 chromosome plants) via female gametes were 16,7 to 45,3% and 0,0 to 21,7% – via male gametes, respectively. Besides, on the plant ( $2n=42+t_{satellited}$ ) the frequencies were scored 56,8 and 35,2% respectively. However, a different viability of the hybrid zygotes and embryos having various chromosome numbers distorts the real frequencies of the viable gametes ( $n=22$ ) with the alien chromosomes. Correlation coefficients between seed setting or seed germination and frequency of 43 chromosome plants scored  $r=-0,51^*$  or  $r=-0,59^*$ , respectively. Therefore, the respective coefficients of the zygote selection are necessary to estimate the corrected frequencies. Moreover, an addition of the *Elymus* monosomics (especially satellited telocentrics) caused a tendency to asynapsis among wheat chromosomes (up to  $2,07 \pm 0,23^l$ ), also changing the expected gamete frequencies. The addition of the disomics, as well as satellited isochromosome almost did not influence the homologous pairing, though. The fertility of the plants ( $2n=44$ ) was different and ranged from 0 to 275 seeds per a plant depending on the cross, the plant and the chromosome.

As a result, the addition ( $2n=43-44$ ) and euploid ( $2n=42$ ) segregants carrying any alien character (powdery mildew, leaf or stem rust resistance, BYDV tolerance, hairy leaf, rough stem, purple culm etc.) were selected for further investigation. The powdery mildew resistance and the BYDV tolerance seem to demand at least two couples of *Elymus* chromosomes for the expression.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ СЕСТРИНСКО-ХРОМАТИДНЫХ СВЯЗЕЙ В ЦЕНТРОМЕРНЫХ РАЙОНАХ УНИВАЛЕНТНЫХ ХРОМОСОМ В МЕЙОЗЕ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ АНЕУПЛОИДОВ

Щапова А.И., Силкова О.Г., Кравцова Л.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

В настоящее время с помощью молекулярно-генетических методов интенсивно ведутся исследования по изучению структуры и функции центромер хромосом у человека, разных видов дрожжей и насекомых. Особое внимание уделено выяснению генетического контроля сестринско-хроматидных связей, основного механизма сегрегации хромосом в мейозе и митозе. Для цитогенетических исследований связей между сестринскими хроматидами наиболее удобным объектом могут служить анеуплоидные линии пшеницы и ее гибриды. В результате цитологического изучения мейоза у моносомиков пшеницы *Triticum aestivum* L. сорта Саратовская 29 и пшенично-ржаных замещенных линий *Triticum aestivum* L. сорта Саратовская 29 / *Secale cereale* L. сорт Онохойская нами было установлено, что универсальные хромосомы, принадлежащие разным геномам, различаются по типу ориентации центромер в M<sub>I</sub> и частоте эквационного деления в A<sub>I</sub> мейоза. Так, оказалось, что универсальная хромосома 5A пшеницы в M<sub>I</sub> имела преимущественно amphitelic ориентацию и в A<sub>I</sub> мейоза делилась на хроматиды значительно чаще гомеологичной ей хромосоме пшеницы 5D. Частота эквационного деления универсалентов 5A и 5D пшеницы была значительно выше в присутствии пары хромосом ржи 5R. Универсалентная хромосома ржи 5R имела amphitelic ориентацию и претерпевала эквационное деление значительно чаще гомеологов пшеницы 5A и 5D. С целью выяснения роли других хромосом ржи в регуляции сестринско-хроматидных связей изучен мейоз у девяти различных ди-моносомиков, полученных от скрещивания пшенично-ржаных замещенных линий *Triticum aestivum* L. сорта Саратовская 29 – *Secale cereale* L. сорт Онохойская с сортом пшеницы Саратовская 29. Между ди-моносомиками обнаружены различия по частоте эквационного деления универсалентов в A<sub>I</sub>. Универсалентные хромосомы у ди-моно 5A–5R и 6A–6R делились преимущественно эквационно, а у 2R–2D редукционно. Уровень эквационного деления универсалентов на две отдельные хроматиды у ди-моно 1R–1A и 1R–1D оказался эквационно-редукционным. С помощью C-метода дифференциального окрашивания хромосом проанализирована частота деления индивидуально каждой универсалентной хромосомы у ди-моно 5A–5R, 5D–5R и 5A–5D. Установлено, что две универсалентные хромосомы одного и того же ди-моносомика характеризуются индивидуальной частотой деления их на хроматиды в районе центромер в первом мейотическом делении. Кроме этого, обнаружены различия по частоте эквационного деления одной и той же хромосомы в разной генотипической среде у ди-моносомиков. Таким образом, в результате изучения мейоза у пшенично-ржаных анеуплоидов установлено, что различия в типе ориентации центромер сестринских хроматид универсалентных хромосом в M<sub>I</sub> и уровень их эквационного деления на две отдельные хроматиды в A<sub>I</sub> мейоза обусловлены двумя факторами: 1. генами, контролирующими связь в центромерных районах между сестринскими хроматидами хромосом, которые локализованы в разных негомологичных хромосомах ржи и пшеницы; 2. структурными различиями центромерных районов хромосом разных геномов.

## GENETIC CONTROL OF SISTER CHROMATID BONDS IN CENTROMERE REGIONS OF UNIVALENTS DURING MEIOSIS IN WHEAT-RYE ANEUPLOIDS

Shchapova, A.I., Silkova, O.G., Kravtsova, L.A.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

At present, investigations on chromosome centromere structure and function in man, different kinds of yeast and insects are carrying out now using molecular genetic methods. Special attention is paid to elucidation of genetic control of sister chromatid bonds – the main mechanism of chromosome segregation in mitosis and meiosis. Aneuploid lines of wheat and its hybrids may serve as the most convenient object for cytogenetic investigations of sister chromatid bonds. As a result of cytological study of meiosis in *Triticum aestivum* L. (cv. Saratovskaya 29, S29) monosomics and wheat-rye substitution lines *T.aestivum* L. (cv.S29)/*S.cereale* (cv.Onokhoiskaya, Onok) we have established that univalent chromosomes belonged to different genomes differ in type of centromere orientation in MI and frequency of equational division in AI of meiosis. The 5A wheat univalent have been found to have, presumably, amphitelic orientation in MI and in AI of meiosis it divided on chromatides much more often than wheat 5D homoeologue. Equational division frequency of wheat 5A and 5D univalents was much more higher in presence of 5R rye chromosome. Rye 5R univalent had the amphitelic orientation and underwent equational division much more often than 5A and 5D homoeologues. For the purpose to study the role of other rye chromosomes in sister chromatid bonds regulation the meiosis was studied in nine different dimonosomics resulted from crossing of wheat-rye substitution lines *T.aestivum* L. (S29)/*S.cereale* L. (Onok) with S29 wheat. The differences in AI univalents equational division frequency have been found among dimonosomics. In dimonos 5A–5R and 6A–6R, the univalents divided mostly equationally, and in 2R–2D – reductionally. The level of equational division of univalents on two separate chromatides was equational-reductional in dimonos 1R–1A and 1R–1D. Using C-banding technique, the individual division frequency of every univalent was studied in dimonos 5A–5R, 5D–5R and 5A–5D. It have been established that two univalents of the same dimonosomal characterized by individual frequency of division into chromatides in the centromere region, in the first meiotic division. Besides, the differences have been found in the equational division frequency for the same chromosome in the different genotypic environment of dimonosomics.

As a result of meiosis study in wheat-rye aneuploids two factors have bee found to influence on the type of sister chromatides orientation in MI univalents and level of their equational division in two separate chromatides in AI: a) genes controlling the bond between sister chromatides centromere region, which localized in non-homologous chromosomes of wheat and rye; b) structural differences of centromere region in chromosomes from different genomes.

## ЭВОЛЮЦИЯ СТАБИЛЬНОСТИ МЕЙОЗА ПРИ СОЗДАНИИ МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ СОРТА ФАВОРИТ

Джура А.

Research Institute for Cereals and Industrial Crops, Fundulea, Romania

В процессе межсортовой передачи анеуплоидного состояния в  $F_1$  и беккроссовые поколения унивалентные хромосомы находятся на гетерозиготном генетическом фоне, что может влиять на стабильность мейоза. Как правило, коньюгация хромосом постоянно снижена в первых поколениях беккроссовых программ, главным образом, за счет гибридного десинапсиса. Это может приводить к замене исходного унивалента на другую хромосому («смена унивалента») вследствие случайного распределения унивалентов.

Моносомные линии сорта Фаворит (кроме 2A) создавались как двойные и тройные сублинии путем скрещивания сорта Фаворит с моносомиками по сорту Шайенн и беккроссированием в течение десяти поколений. Моно 2A была создана с использованием моно 2A сорта Чайниз Спринг. Между сортами Фаворит, Шайенн и Чайниз Спринг не было обнаружено различий по хромосомным транслокациям. Регулярно проводились проверки на смену унивалента.

В данном исследовании оценивалась эволюция стабильности мейоза с использованием двух параметров: число унивалентов на материнскую клетку пыльцы (МКП) и процент клеток с десинапсисом.

Наблюдались более высокое число унивалентов на МКП и более высокий процент десинапсиса в  $F_1$  и в поколении  $BC_1$ , с очевидной тенденцией снижения этих значений при последующем беккроссировании. Среднее число унивалентов на МКП варьировало от 1,6 (1,3–1,9) в  $F_1$  до 1,04 (1,0–1,1) в  $BC_{10}$  и среднее количество клеток с десинапсисом изменялось от 21,8% (13,5–36,9) в  $F_1$  до 1,7% (0,0–3,10) в  $BC_{10}$ .

Статистический анализ данных обнаружил существенные различия (значения F) между 21 моносомиком в  $F_1$ ,  $BC_1$  и  $BC_3$  и их отсутствие между 10 моносомиками в  $BC_6$  и  $BC_{10}$ . Хромосомы 3B и 4B обнаружили наивысшую частоту клеток с десинапсисом практически во всех беккроссах. С другой стороны, частоты десинапсиса у моносомиков 1D, 6B и 6A были очень низкими. Наивысшие значения числа унивалентов на МКП были характерны для хромосом 3B, 4B и 3A и наиболее низкие – для хромосом 1D, 6B и 6D. Несмотря на высокие значения десинапсиса и/или числа унивалентов на МКП в некоторых моносомных линиях не обнаружено связи между двумя параметрами и явлением «смены унивалента».

**THE EVOLUTION OF MEIOTIC STABILITY DURING THE DEVELOPMENT OF FAVORIT MONOSOMICS***Giura, A.*

Research Institute for Cereals and Industrial Crops, Fundulea, Romania

In the  $F_1$  and backcross generations for intervarietal transfer of aneuploid condition by chromosome manipulation, the monosomics are in heterozygous background which might affect the meiotic stability. As a rule, the chromosome pairing is invariably reduced in the first generation of backcross programme mainly by hybrid desynapsis. This can lead to an exchange of the original monosomic for another chromosome ("univalent shift") in consequence of the random distribution of the univalents.

The Favorit monosomics (except 2A) were developed as duplicate or triplicate sublines by crossing the Favorit variety onto the Cheyenne monosomics and backcrossing for ten generations. The mono 2A was developed using mono 2A of Chinese Spring. No chromosomal translocation difference between Favorit, Cheyenne and Chines Spring was observed. The test crosses for correctness of monosity were regularly accomplished.

In this study the evolution of meiotic stability was estimated by two parameters: number of univalents per pollen mother cell (PMC) and percentage of desynaptic cells.

There was a higher number of univalents/PMC and higher frequency of desynapsis in  $F_1$  and  $BC_1$  generations and an evident tendency for lower values with further backcrossing. The average number of univalents/PMC varied from 1,6 (1,3–1,9) in  $F_1$  to 1,04 (1,0–1,1) in  $BC_{10}$  and the mean values of desynaptic cells ranged from 21,8% (13,5–36,9) in  $F_1$  to 1,7% (0,0–3,10) in  $BC_{10}$ .

The statistical analysis of the data revealed significant differences ( $F$  values) among the 21 monosomics of  $F_1$ ,  $BC_1$  and  $BC_3$  and no differences for  $BC_6$  and  $BC_{10}$  monosomics. The chromosomes 3B and 4B showed the highest frequencies of desynaptic cells in almost all backcrosses. On the other hand the frequencies of desynapsis in monosomic 1D, 6B and 6A were very low. The higher values of the number of univalents/PMC were associated with chromosomes 3B, 4B and 3A and the lower ones with chromosomes 1D, 6B and 6D. Despite the higher values of desynapsis or/and number of univalents/PMC in some monosomic lines, no relationship between the two parameters and "univalent – shift" appearance could be established.

## ИЗУЧЕНИЕ ЧАСТОТЫ ФУНКЦИОНИРУЮЩИХ 20- И 21-ХРОМОСОМНЫХ ЖЕНСКИХ И МУЖСКИХ ГАМЕТ У МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ ОПАЛ

Дыленок Л.А., Хотылева Л.В., Яцевич А.П., Куделко Л.И.

Институт генетики и цитологии НАН, Минск, Беларусь

Учитывая средние частоты образования анеуплоидов в потомстве самоопыленных моносомиков пшеницы Чайниз Спринг Е.Р. Сирс (1954) установил, что моносомные растения образуют в среднем 75% 20-хромосомных женских и 4% мужских гамет, что приводит к появлению в потомстве самоопыленного моносомного растения 73% моносомиков, 24% дисомиков и 3% нуллисомиков. Эти величины были приняты за стандарт. Наряду с данными, подтверждающими эти соотношения, многими исследователями отмечены отклонения от теоретически ожидаемых величин. Процент передачи 20-хромосомных мужских и женских гамет можно определить по потомству самоопыленных моносомиков и реципрокных гибридов моносомных растений с дисомными. Для изучения частоты функционирующих 20- и 21-хромосомных мужских и женских гамет в каждой моносомной линии Опал мы анализировали: потомство моносомиков Опал при самоопылении, где 40- и 41-хромосомные растения образуются за счет 20-хромосомных как женских, так и мужских гамет; F<sub>1</sub> моносомная линия × сорт, где частота 41-хромосомных растений зависит только от 20-хромосомных женских гамет; F<sub>1</sub> сорт × моносомная линия, где 41-хромосомные растения образуются только с участием 20-хромосомных мужских гамет. Степень соответствия фактических частот растений с разным числом хромосом с теоретически ожидаемым определяли методом  $\chi^2$ .

У самоопыленных моносомиков средний процент 41-хромосомных растений составляет 69,0, нуллисомных 7,72 и дисомных 23,28, т.е. процент нуллисомиков несколько выше, а моносомиков – ниже, чем принятые стандартные величины. Моносомные растения в разных линиях выпадают с частотой от 56,8 (2A) до 78,6% (3D). Процент дисомных растений в среднем очень близок к данным E.R.Sears, но по линиям изменяется от 9,8 (1D) до 36,4% (2A). Линии 2A, 2B, 5D образуют более 30% дисомиков, а в линиях 6A, 1D, 7D их частота составляет всего 10–13%. Количество нуллисомных растений в подавляющем большинстве линий выше расчетного, а в линиях 6A, 3B, 5B, 1D, 7D составляет 10–22%. Соотношение 40-, 41- и 42-хромосомных растений в потомстве самоопыленных моносомиков у 13 линий соответствует теоретически ожидаемому.

У большинства гибридов моно-линия × сорт соотношение моносомных и дисомных растений с разной степенью достоверности соответствует теоретически ожидаемому 75% : 25%. У пяти линий (2B, 3B, 7B, 1D и 6D) наблюдается отклонение от стандарта. Анализ скрещиваний сорт × моно-линия показал, что у гибридов выход моносомиков колеблется от 11,1 (2D) до 47,1% (3B) и в среднем по всем линиям составляет 28,6%, что значительно выше принятого стандарта. У линий 4B и 2D установлено соответствие фактических и теоретически ожидаемых результатов. В остальных линиях соотношение 4% : 96% сдвигается в сторону увеличения числа моносомных растений, что свидетельствует о более высокой, чем 4%, частоте 20-хромосомных мужских гамет. Это является основанием для использования моносомных растений в качестве отцовского компонента в первом скрещивании при создании новых серий моносомных линий. В этом случае моносомные линии после беккроссирования будут иметь «свою» цитоплазму.

## STUDY ON THE FREQUENCY OF FUNCTIONING 20- AND 21-CHROMOSOME FEMALE AND MALE GAMETES IN OPAL MONOSOMIC LINES

*Dylenok, L.A., Khotyljova, L.V., Yatsevich, A.P., Kudelko, L.I.*

Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, Minsk, Belarus

Taking into consideration mean frequencies and the variation range of aneuploid types in progeny of Chinese Spring self-pollinated monosomics E.R.Sears (1954) has revealed that monosomic plants produce on the average about 75% of 20-chromosome female gametes and about 4% of male ones that results in appearance of 73% of monosomics, 24% of disomics and 3% of nullisomics in the progeny of self-pollinated monosomic plant. These values were accepted as a standard. Along with the data corroborating these ratios, many researchers observed deviations from the theoretically expected values. Percentage of transferring male and female 20-chromosome gametes can be determined by the progeny of self-pollinated monosomics and by the results of reciprocal crossings between monosomic and disomic plants. In the given paper for studying the frequency of functioning 20- and 21-chromosome male and female gametes in each Opal monosomic line we analysed as follows: the progeny of Opal monosomics under self-pollination, where 40- and 41-chromosome plants are formed at the expense of 20-chromosome female and male gametes; hybrids from crossing of monosomic line  $\times$  variety, where the frequency of 41-chromosome plants depends only on 20-chromosome female gametes; and hybrids from crossing of variety  $\times$  monosomic line, where 41-chromosome plants are produced only owing to 20-chromosome male gametes. The degree of agreement between real frequencies of plants with a different number of chromosomes and theoretically expected ones was determined by chi-squared test.

In self-pollinated monosomics the average percent of 41-chromosome plants is 69,0, nullisomics – 7,72 and disomics – 23,28, i.e. percent of nullisomics is somewhat higher and that of monosomics is lower than the accepted standard values. Monosomic plants segregate with the frequency from 56,8 (2A) to 78,6% (3D) in various lines. Percent of disomic plants is, on the average, close to the data of E.R.Sears but varies from 9,8 (1D) to 36,4% (2A) in the lines. The lines 2A, 2B, 5D form above 30% of disomics and in the lines 6A, 1D and 7D their frequency makes up only 10–13%. The number of nullisomic plants in the majority of the lines is higher than the expected value and in the lines 6A, 3B, 5B, 1D and 7D it is 10–22%. On the whole, the ratio of 40-, 41- and 42-chromosome plants in the progeny of self-pollinated monosomics in 13 lines is in agreement with the theoretically expected distribution.

The chi-squared test data show that in most monoline  $\times$  variety hybrids the ratio of monosomic and disomic plants is in agreement, to a different degree of significance, with the theoretically expected 75:25%. Deviation from the standard is observed only in 5 lines (2B, 3B, 7B, 1D and 6D). Analysis of variety  $\times$  monoline hybrids has shown that in hybrids number of monosomics varies from 11,1 (2D) to 47,1% (3B) and, on the average, makes up 28,6% in all the lines that is much higher than accepted standard. Agreement between real and the theoretical by expected results was revealed only in the lines 4B and 2D. In the rest of the lines the ratio of 4:96% is shifted toward increase in the number of monosomic plants that is indicative of higher than 4% frequency of 20-chromosome male gametes. This is the basis for utilising monosomic plants as a paternal component in the first crossing during developing new series of monosomic lines. In this case monosomic lines will have "their own" cytoplasm after back-crossing.

# ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ТЕЛОЦЕНТРИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ДЛЯ ОБНАРУЖЕНИЯ ТРАНСЛОКАЦИЙ МЕЖДУ ПШЕНИЧНЫМИ И ПЫРЕЙНЫМИ ХРОМОСОМАМИ У 56-ХРОМОСОМНЫХ ПШЕНИЧНО-ПЫРЕЙНЫХ ГИБРИДОВ

Семенов В.И., Семенова Е.В.

Главный ботанический сад им. Н.В.Цицина РАН, Московская область, Россия

Более 50 лет существуют неполные пшенично-пырейные амфидиплоиды (НППАД), как самостоятельный вид *Triticum agropyrotriticum* Cicin, в клетках которого 42 хромосомы – от мягкой пшеницы и 14 – от пырея сизого. Не исключено, что в ходе столь длительного «существования» указанных наборов хромосом в клетках одного организма между ними возникали транслокации. Исследование этого явления может иметь как теоретическое (эволюционное) так и практическое значение. Одним из методов, с помощью которого можно попытаться установить факт наличия или отсутствия указанных транслокаций, является телоцентрический анализ, разработанный Е.Сирсом (1962). Коньюгация телоцентрика со структурно измененным гомологичным плечом пшеничной хромосомы НППАД будет в той или иной степени затруднена, и он будет оказываться в унивалентном состоянии. Методическая трудность состоит в том, чтобы дифференцировать унивалентный (неконьюгирующий) пшеничный телоцентрик от пырейных унивалентов генома «X» в мейозе 49-хромосомных гибридов. Нами установлено, что при определенных предобработках перед фиксацией телоцентрический унивалент ускоренно дифференциально спирализуется и превращается в «глобулу», которая без труда визуально распознается. Отработана техника предобработки и фиксации стабильно воспроизводящая данную картину. В связи с этим достигнута воспроизводимость идентификации – не менее 85%.

Изучена коньюгация хромосом в мейозе (микроспорогенез) гибридов F<sub>1</sub> двух типов: а) от скрещивания трех форм НППАД селекции отдела отдаленной гибридизации ГБС РАН (селекционные номера М-169, ЗП-26 и М-111) с телоцентрическими линиями на сорте Чайназ Спринг и б) от скрещивания сорта 42-хромосомного ППГ Ботаническая 2 и сорта Чайназ Спринг с теми же телоцентрическими линиями. Полученные данные позволяют сделать выводы: 1) В мейозе гибридов телоцентрических линий с Чайназ Спринг частота растений, в которых иногда встречается «неконьюгирующий телоцентрик» не превышает 1%. 2) Остальные номера и сорта (кроме Чайназ Спринг) имеют значительно более высокую частоту растений, в клетках которых намного чаще наблюдается неконьюгирующий телоцентрик. Частота (процент) клеток с неконьюгирующим телоцентриком в пределах тех или иных растений, очевидно, является мерой степени структурной дифференциации между телоцентрическим плечом и гомологичным плечом соответствующей пшеничной хромосомы НППАД. 3) Частота мультивалентов в мейозе исследованных гибридов очень низка. Следовательно, наблюданная структурная хромосомная дифференциация, скорее всего, вызвана включением в пшеничные плечи пырейного материала, а не фрагментов пшеничных гомеологов (транслокации последнего типа, по-видимому, образуются, но элиминируются отбором). 4) Отмеченный структурный хромосомный полиморфизм имеет два уровня: межсортовой и внутрисортовой. Вероятно, он является показателем геномной реорганизации НППАД под влиянием искусственного и естественного отбора.

## USAGE OF THE TELOCENTRIC ANALYSIS FOR DETECTION OF TRANSLOCATIONS BETWEEN WHEAT AND COUCHGRASS CHROMOSOMES FOR 56-CHROMOSOME WHEAT-COUCHGRASS HYBRIDS

Semenov V.I., Semenova E.V.

Main Botanic Garden of a name of N.V.Tsitsin of the RAS, Moskow Region, Russia

More than 50 years the incomplete wheat-couchgrass amphidiploids (NWCAD) exist, as an species *Triticum agropyrotriticum* Cicin, in cells of which 42 chromosomes – from a bread wheat and 14 – from a couchgrass (*Agropyron glaucum*). It is possible, that in a course of so long-lived “coexisting” of the indicated sets of chromosomes in cells of one organism translocations happened between them. The investigation of this phenomenon can have both theoretical (evolution) and practical value. By one of methods, with the help of which the attempt is possible to show the fact of presence or absence of the indicated translocations, is the telocentric analysis, designed by dr. E.Sears (1962). The pairing of a telocentric with a structurally changed homologous arm of a wheat chromosome NWCAD will be hamper to some extent, and it will appear in a univalent state. The methodical difficulty is to differentiate a univalent (nonpaired) wheat telocentric from couchgrass inivalents of the genome “X” during a meiosis in the 49-chromosome hybrids. We hve found out, that at definite preprocessing before immersion fixation the telocentric inivalent accelerates differentially coiling and turns to the “globule”, which is visually recognized without difficulty. The method of preprocessing following Carnoy fixation with stable reproducing of the given pattern is designed. In this connection the reproducibility of identification, not less than 85 % is reached.

The conjugation of chromosomes in meiosis (microsporogenesis) of hybrids F<sub>1</sub> of two types is studied: a) from cross of three forms NWCAD, selected in a Department of a distant hybridization of Main Botanic Garden of Russian Academy of Sciences (selection numbers M-169, ZP-26 and M-111) with telocentric lines from variety Chinese Springs and b) from cross of the 42-chromosome variety of wheat-couchgrass hybrid Botanic 2 and variety Chinese Springs with the same telocentric lines. The received datas allow to make the following conclusion: 1) In meiosis of hybrids of telocentric lines with the Chinese Springs, the frequency of plants, in which sometimes “a non-paired telocentric” is found does not exceeds 1%. 2) Remaining forms and the variety (except for Chinese Springs) have considerably more high frequency of plants, in cells of which non-paired telocentric is observed much more often. The frequency (percent) of cells with non-paired telocentric among plants, apparently, is a measure of a degree of structural differentiation between a telocentric arm and homologous arm of the corresponding wheat chromosome in NWCAD. 3) Frequency of multivalents in meiosis of the studied hybrids is very low. Therefore, the observable structural chromosome differentiation, most likely, is caused by incorporation of a couchgrass chromosome segments in wheat arms, instead of pieces of wheat homoeologues (the translocations of the last type, apparently, may happen, but are eliminated by selection). 4) The marked structural chromosome polymorphism has two levels: intervarietal and intravarietal. Probably, it is a parameter of genomic reorganization in NWCAD under influence of artificial and natural selection.

**Секция 2 / Session 2****ХАРАКТЕР ВОССТАНОВЛЕНИЯ ФЕРТИЛЬНОСТИ У ЭУПЛОИДОВ И АНЕУПЛОИДОВ, ПОЛУЧЕННЫХ В ПОТОМСТВЕ ЯЧМЕННО-ПШЕНИЧНЫХ ГИБРИДОВ**

*Першина Л.А., Нумерова О.М., Белова Л.И., Девяткина Э.П.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Ячменно-пшеничные гибриды представляют интерес для изучения филогенетического родства между подтрибами *Hordeum* L. и *Triticum* L., анализа взаимодействия чужеродных геномов при создании новых форм растений. Получение ячменно-пшеничных гибридов затруднено из-за несовместимости между этими видами и связано с необходимостью применения методов преодоления програмной и постгамной несовместимости. Однако для многих гибридных комбинаций ячмень × пшеница остается не решенной проблемой восстановления фертильности. В данной работе уделено внимание возможности и особенностям восстановления фертильности у ячменно-пшеничных гибридов двух комбинаций: *H.vulgare* L. ( $2n=14$ ) × *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ) и *H.geniculatum* All. [*H.maritimum* subsp. *gussoneanum*] ( $2n=28$ ) × *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ). Использовано два метода восстановления фертильности: получение амфиплоидов с помощью обработки гибридов  $F_1$  и их регенерантов, индуцированных в культуре каллусов молодых соцветий, колхицином или беккроссирование гибридов и регенерантов. В результате колхицинирования среди регенерантов *H.geniculatum* × *T.aestivum* выделены амфиплоиды ( $2n=68-70$ ) с частично восстановленной самофертильностью. У гибридов *H.vulgare* × *T.aestivum* и их регенерантов жизнеспособных амфиплоидов получить не удалось. Характер восстановления фертильности у двух гибридных комбинаций оказался разным и при беккросировании. Так, в результате первого беккросса мягкой пшеницей гибридов *H.geniculatum* × *T.aestivum* происходило восстановление их самофертильности, которая поддерживалась у самоопыленных и беккросовых потомков растений BC<sub>1</sub>. Проявление самофертильности наблюдалось независимо от полидности растений BC<sub>1</sub>F<sub>1-9</sub>-BC<sub>4</sub>F<sub>6</sub>. Амфиплоиды *H.geniculatum* × *T.aestivum* ( $2n=68-70$ ) оказались цитогенетически не стабильными. Это привело к образованию в F<sub>2</sub>-F<sub>9</sub> большого числа аллоплазматических анеуплоидов и зуплоидов пшеничного типа, основная часть которых характеризуется самофертильностью. Таким образом, цитоплазматический геном дикорастущего ячменя *H.geniculatum* не оказывает негативного влияния на функционирование ядерного генома пшеницы с зуплоидным ( $2n=42$ ) и анеуплоидными числами хромосом. Самофертильность потомков гибридов *H.geniculatum* × *T.aestivum* не зависела от сорта пшеницы, вводимого в беккросирование. Что касается гибридов *H.vulgare* × *T.aestivum*, то восстановить их фертильность удается в результате беккросирования к BC<sub>3</sub>-BC<sub>5</sub>, определенными сортами мягкой пшеницы. Частичная самофертильность характерна только для аллоплазматических анеуплоидов ( $2n=43$ ) и зуплоидов ( $2n=42$ ). Однако полное восстановление самофертильности происходит только у 42-хромосомных растений. Обсуждается роль полигенной системы Rf-генов, ответственных за восстановление фертильности мягкой пшеницы при наличии цитоплазматического генома культурного ячменя.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (99-04-40332).

**THE PECULIARITIES OF FERTILITY RESTORATION IN EUPLOIDS  
AND ANEUPLOIDS OF BARLEY-WHEAT HYBRID PROGENIES***Pershina, L.A., Numerova, O.M., Belova, L.I., Devyatkina, E.P.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Barley-wheat hybrids are of great interest for investigation of phylogenetic relationship between subtribes *Hordeum* L. and *Triticum* L., analysis of interactions between alien genomes, to generate new plant genotypes. The production of barley-wheat hybrids is complicated due to the interspecies incompatibility and is connected with the necessity to apply methods of overcoming pre-gamic and post-gamic incompatibility. However, the problem of fertility restoration remains unsolved for many barley-wheat hybrid combinations. The possibilities and peculiarities of fertility restoration in two hybrid barley-wheat combinations *H.vulgare* L. ( $2n=14$ )  $\times$  *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ) and *H.geniculatum* All. [*H.marinum* subsp. *gussoneanum*] ( $2n=28$ )  $\times$  *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ) were considered in the work. Two methods of fertility restoration were used – the production of amphiploids by treating  $F_1$  hybrids and their regenerants with colchicine or the backcrosses of hybrids and their regenerants with wheat. The regenerants were induced in the callus tissue of young inflorescences removed from hybrids. Amphiploids ( $2n=68-70$ ) with partially restored self-fertility were obtained amongst regenerants of hybrids *H.geniculatum*  $\times$  *T.aestivum*. We did not manage to obtain viable amphiploids in hybrids and regenerants of *H.vulgare*  $\times$  *T.aestivum*. The character of fertility restoration in two hybrid combinations turned different as a result of backcrosses. Thus, the first backcross with wheat resulted in fertility restoration in hybrids and regenerants of *H.geniculatum*  $\times$  *T.aestivum*. Self-fertility was maintained in progenies of  $BC_1$  after self-pollination and consecutive backcrosses. Self-fertility manifestation was observed regardless of ploidy of  $BC_1$ - $BC_4F_6$  plants. Amphiploids *H.geniculatum*  $\times$  *T.aestivum* ( $2n=68-70$ ) had cytogenetic instability. It led to the formation of a great number of wheat-type alloplasmic aneuploid and euploid plants. These plants mostly characterised by self-fertility. Therefore, a cytoplasmic genome of wild barley *H.geniculatum* did not exert negative influence on the function of wheat nuclear genome in plants with different number of chromosomes. Self-fertility of hybrids *H.geniculatum*  $\times$  *T.aestivum* did not depend on the wheat genotypes introduced into backcrosses. As for *H.vulgare*  $\times$  *T.aestivum* hybrids, their fertility restoration was realised only in the backcrossing to  $BC_3$ - $BC_5$  with certain wheat varieties. Partial self-fertility could characterise alloplasmic aneuploids ( $2n=43$ ) and euploids ( $2n=42$ ). However, complete self-fertility restoration occurred only in 42-chromosome plants. The role of polygenic system of *Rf*-genes in fertility restoration of common wheat under the presence of cultivated barley cytoplasmic genome is being discussed.

The work was supported by Russian Foundation for Basic Research, grant no. 99-04-49332.

# ПШЕНИЧНО-ЭГИЛОПСНЫЕ ГИБРИДЫ И ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИОННЫХ ПРОГРАММАХ

Спецов П., Иванов П., Милкова В., Иванова И., Петрова Н., Даскалова Н., Белчев И.

Institute of Wheat and Sunflower Research 9520, General Toshevo, Bulgaria

## 1. Коллекция видов рода *Aegilops* и их скрещиваемость с пшеницей

Вдоль побережья Черного моря в 21 точке собрано 53 образца видов рода *Aegilops*. Растения отнесены к шести видам: *Ae.ovata*, *Ae.triaristata*, *Ae.biuncialis*, *Ae.columnaris*, *Ae.triuncialis*, и *Ae.cylindrica*, в основном на основании строения колоса. Все эти виды, за исключением *Ae.triaristata*, – тетраплоиды, и только один вид, *Ae.triuncialis* ssp. *typica*, отмечен на протяжении всего побережья.

Виды *Aegilops* устойчивы к патогенам, в особенности к мучнистой росе и, кроме того, содержали субъединицы белков семян, не отмеченные у мягкой пшеницы. Эти виды скрещивались с озимыми сортами мягкой пшеницы «Янтарь», «Мизия» и «Нивьяна». Гибридные семена F<sub>1</sub> в лабораторных условиях не прорастали, и приходилось использовать эмбриональную культуру, чтобы получить жизнеспособные гибридные растения. В настоящее время ведется работа по созданию амфиплоидов с видами перечисленными выше.

## 2. Создание дисомных дополненных и замещенных линий с привнесенной устойчивостью к мучнистой росе

Дополненные и замещенные линии получены путем переноса хромосом с геном, определяющим устойчивость к мучнистой росе на стадии взрослого растения, от *Ae.variabilis*, *Ae.kotschyi* и *Ae.ovata*, которые были взяты из коллекции G.Toshevo (IWSR). Обнаружено, что хромосомы 1U двух первых видов (обозначенные 1U<sup>var</sup> и 1U<sup>kot</sup>) и хромосома 6U вида *Ae.ovata* несут главный ген устойчивости взрослого растения к мучнистой росе. Недавно получены новые 42-хромосомные производные от скрещиваний озимых пшениц из коллекции IWSR и *Ae.speloides*. Они проявляли устойчивость к мучнистой росе не только на стадии взрослого растения, но и на стадии проростка. В настоящее время совместно с группой, руководимой Dr. Zeller (Freising-Weihenstephan, Германия) начата работа по идентификации гена(ов) Pm находящихся на этих чужеродных хромосомах.

## 3. Создание рекомбинантных линий: пшеница – *Ae.variabilis* и пшеница – *Ae.kotschyi*

Получен набор дигаплоидных линий от скрещивания озимого сорта «Чародейка» и линии 11-8 (дисомик с замещением 1U<sup>var</sup>-1B, полученный от скрещивания: «Русалка» × *Ae.variabilis*) с использованием радиационного облучения, каллусной культуры и культуры пыльников. Новые линии устойчивы к мучнистой росе, и охарактеризованы с помощью цитологических, белковых и микросателлитных маркеров. 10 линий были 44-хромосомными (дополнительная пара 1U), остальные шесть линий имели по 42 хромосомы и представляли собой 1U-1A, 1U-1B и 1U-1D замещения. Также получено несколько рекомбинантных линий: одна рекомбинация определена как 1AS.1UL, и две другие перестройки захватывали хромосомы 1U и 1B. Микросателлиты и HMW глютенины использованы, чтобы маркировать интроверсируемую в пшеничный геном хромосому 1U<sup>var</sup>.

Обнаружена корреляция между безвосковостью и присутствием хромосомы 1U<sup>var</sup> у растений пшеницы. Этот феномен может быть использован, чтобы отбирать и поддерживать одинарные и двойные добавления и замещения у восковых пшениц.

Начат другой эксперимент с целью получения рекомбинантов на основе сорта «Китен» с использованием хромосомы 1U<sup>kot</sup>.

## WHEAT-AEGILOPS HYBRIDS AND THEIR USE IN THE BREEDING PROGRAM

*Spetsov, P., Ivanov, P., Milkova, V., Ivanova, I., Petrova, N., Daskalova, N., Belchev, I.*

Institute of Wheat and Sunflower Research 9520, General Toshevo, Bulgaria

### **1. Collection of *Aegilops* species and their crossability to wheat**

A total of 53 samples of *Aegilops* species were collected from 21 locations along the Black-Sea coast. The plants were divided into six species: *Ae.ovata*, *triaristata*, *biuncialis*, *columnaris*, *triuncialis* and *cylindrica*, mainly on the basis of spike characteristics. All the species were tetraploid, except for *Ae.triaristata*, and only *Ae.triuncialis* ssp. *typica* was found to grow all over the shore.

The *Aegilops* species expressed disease resistance, especially to the powdery mildew fungus and seed protein subunits that are not found in bread wheat. They were crossed to winter type wheat cvs. Yantar, Mizia and Nivyana. The F<sub>1</sub> hybrid seeds did not germinate under laboratory condition and embryo culture was applied to produce viable hybrid plants. The production of amphiploids with the species mentioned above, is now in progress.

### **2. Development of disomic addition and substitution lines with derived powdery mildew resistance**

Addition and substitution lines were produced by introducing chromosomes with genes for powdery mildew resistance in adult plant stage from *Ae.variabilis*, *kotschy* and *ovata*, originating from the IWSR – G.Toshevo's collection. 1U chromosome from the first two species (designated 1U<sup>var</sup> and 1U<sup>kot</sup>) and 6U chromosome from *Ae.ovata* were found to carry the main genes for powdery mildew resistance in adult plant stage. New 42-chromosome derivatives were recently developed from the crosses of IWSR's winter wheats and *Ae.speltoides*. They again expressed powdery mildew resistance not only in adult plant stage, but in seedling stage, too. The identification of Pm gene (s) located at these alien chromosomes is now initiated in a co-operative study with Dr. Zeller's group in Freising-Weihenstephan, Germany.

### **3. Production of wheat-*Ae. variabilis* and *kotschy* recombinant lines**

A set of doubled haploid lines were obtained from a cross between winter wheat cv. Charodeika and line 11-8 (a disomic 1U<sup>var</sup>-1B substitution, derived from the cross cv. Rusalka × *Ae.variabilis*) using irradiation treatment, callus and anther culture technique. The new lines showed powdery mildew resistance and were characterized by cytological, protein and microsatellite markers. Ten lines possessed 44 chromosomes (1U pair in addition), and another six lines had 42 chromosomes being 1U-1A, 1U-1B and 1U-1D substitutions. Several recombinant lines were also obtained: one recombination was determined as 1AS.1UL, and two other rearrangements involved 1U and 1B chromosomes. The microsatellite and HMW glutenin markers were appointed to mark the 1U<sup>var</sup> introgression in the wheat genome.

A correlation between nonwaxiness and presence of 1U<sup>var</sup> chromosome in wheat plants was found. This phenomenon can be used to select and maintain the mono- and double addition and substitutions in waxy type wheats.

Another experiment was initiated to produce recombinants in the background of cv. Kiten, involving 1U<sup>kot</sup> chromosome.

## ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ФОРМИРОВАНИЯ И РЕКОНСТРУКЦИИ ГЕНОМОВ РЖАНО-ПШЕНИЧНЫХ АМФИДИПЛОИДОВ НА ЦИТОПЛАЗМЕ РЖИ (СЕКАЛОТРИТИКУМ)

Гордей И.А., Белько Н.Б., Хохлова С.А., Люсиков О.М.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

Создание ржано-пшеничных амфидиплоидов на цитоплазме ржи направлено на устранение наблюдающегося у тритикале ингибирующего эффекта генетических систем ржи цитоплазмой и геномами пшеницы с целью усиления экспрессии ржаного генома и повышения их адаптивности. При синтезе секалотритикум тетрапloidную озимую рожь скрещивают с гексапloidными тритикале – источниками геномов пшеницы.

В докладе изложены результаты цитогенетического анализа основных этапов формирования и реконструкции кариотипов секалотритикум. Установлено, что у ржано-тритикальных пентаплоидов  $F_1$  ( $RRABR, 5x=35$ ), имеющих один диплоидный и три гаплоидных генома, наряду с гомологичной происходит гомеологическая конъюгация хромосом, которая может быть результатом как аллосинтеза хромосом пшеницы и ржи, так и автосинтеза хромосом или пшеницы, или ржи. Конъюгация гомеологов вызвана подавлением  $Rh$ -системы 5B хромосомы в геноме исследуемых пентаплоидов вследствие промоторного эффекта тройной дозы хромосом R-генома и способствует внутри- и межгеномным рекомбинациям.

Показано, что у гибридов  $F_1$  в условиях ржаной цитоплазмы и действия  $P/Edu$ -генов (Силкова и др., 1999) в тройной дозе часть унивалентов делится эквационно, разделяясь в AI мейоза на хроматиды с последующей их элиминацией, а другая часть – редукционно, неравномерно распределяясь по клеткам. В результате гибриды формируют гаметы с 14–28 хромосомами разного качества, что обеспечивает широкий спектр изменчивости кариотипов  $F_1BC$ , и последующих поколений по числу хромосом и кариотипическому составу. Гексапloidные растения выщепляются в среднем с частотой 11%. Большинство из них образовано в результате оплодотворения пыльцой тритикале гамет с неполным гаплоидным набором хромосом пшеницы и ржи, сформированных у ржано-тритикальных пентаплоидов  $F_1$ . Кариотипы таких гексаплоидов не сбалансированы по наборам хромосом исходных видов, характеризуются низкой фертильностью и цитологически не стабильны. Фертильные и цитологически стабильные гексаплоиды образованы с участием частично нередуцированных ABR-яйцеклеток.

Реконструкцию генома секалотритикум и создание хромосомно-замещенных форм с D/A, D/B и D/R замещениями хромосом проводили путем скрещивания амфидиплоидов и ржано-тритикальных пентаплоидов  $F_1$  с мягкой озимой пшеницей. Установлено, что у пентаплоидов  $F_1$  в результате специфичности мейоза, приводящего к элиминации отдельных хромосом A-, B-, R- геномов, создаются предпосылки для замещений и получения широкого спектра хромосомно-замещенных линий.

В докладе обсуждаются закономерности и механизмы формирования и реконструкции геномов ржано-пшеничных амфигаплоидов с цитоплазмой ржи.

**CYTOGENETIC ASPECTS OF GENOME FORMATION AND RECONSTRUCTION IN RYE-WHEAT AMPHIDIPOIDS WITH RYE CYTOPLASM (SECALOTRITICUM)***Gordei, I.A., Belko, N.B., Khokhlova, S.A., Lyusikov, O.M.*

Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, Minsk, Belarus

Development of rye-wheat amphidiploids with rye cytoplasm is aimed at elimination of inhibiting effect of genetic rye system by cytoplasm and genomes of wheat observed in tritcale for intensifying expression of rye genome and increasing their adaptation. In secalotriticum synthesis tetraploid winter rye is crossed with hexaploid tritcale – a source of wheat genomes.

The paper describes the results of the cytogenetic analysis of major formation and reconstruction stages in secalotriticum karyotypes. It was revealed that in F<sub>1</sub> rye-tritcale pentaploids (RRABR, 5x=35) with one diploid and three haploid genomes along with homologous chromosome conjugation, homoeologous one takes place that can result from both allosyndesis of wheat and rye chromosomes, and autosyndesis of either wheat chromosomes or rye ones. Homoeologous conjugation is caused by suppression of 5B chromosome *Ph*-system in genome of the pentaploids studied due to promoter effect of threefold dose of R-genome chromosomes and promotes intra- and intergenomic recombinations.

It is shown that in F<sub>1</sub> hybrids, provided rye cytoplasm and *P/Edu*-gene effect (Silkova et al., 1999) in threefold dose, some of univalents have equational division dividing into chromatids with their subsequent elimination in AI of meiosis and the other have reduction division being distributed non-uniformly in cells. As a result, hybrids form gametes with 14–28 chromosomes of different quality that provides a wide spectrum of karyotype variability of F<sub>1</sub>BC<sub>1</sub> and subsequent generations in the number of chromosomes and karyotypic composition. Hexaploid plants segregate, on the average, with the frequency of 11%. Most of them are developed due to tritcale pollen-fertilization of gametes with incomplete haploid sets of wheat and rye chromosomes formed in F<sub>1</sub> rye-tritcale pentaploids. Karyotypes of these hexaploids are not balanced for chromosome sets of the initial species, characterized by low fertility and are cytologically unstable. Fertile and cytologically stable hexaploids are formed involving partially unreduced ABR-ovules.

Secalotriticum genome reconstruction and development of chromosome-substituted forms with D/A, D/B and D/R chromosome substitutions were performed by crossing amphidiploids and F<sub>1</sub> rye-tritcale pentaploids with soft winter wheat. Preconditions for substitutions and obtaining a wide spectrum of chromosome-substituted lines were revealed to be formed in F<sub>1</sub> pentaploids due to specificity of meiosis resulting in elimination of individual chromosomes of A-, B-, R-genomes.

Regularities and mechanisms of genome formation and reconstruction in rye-wheat amphidiploids with rye cytoplasm are discussed in the paper.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИНТЕТИЧЕСКИХ ФОРМ ДЛЯ УЛУЧШЕНИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Давоян Р.О., Бебякина И.В., Бессараб К.С.

Краснодарский НИИСХ, Краснодар, Россия

В настоящее время селекция мягкой пшеницы испытывает недостаток в генах, контролирующих ряд важных признаков. Большое разнообразие таких генов имеется в генофонде диких сородичей. Для успешной передачи этих генов в мягкую пшеницу разработаны различные подходы. Одним из них является использование вместо диких сородичей синтетических форм. В этом направлении были использованы четыре геномно-замещенные формы Авродес, Аврозис, Авролата, Аврокум, у которых геном D мягкой пшеницы сорта Аврора был заменен соответственно на геномы *Ae.speltoides*, *Ae.sharonensis*, *Ae.umbellulata*, *Ag.glaucum* и одна геномно-добавленная форма *Triticum miguschovae*, включающая в себе геномы AG от *Tr.militinae* и D геном от *Ae.squarrosa*. Эти формы представляют собой качественно новый продукт, где генетический материал диких сородичей представлен в более доступной форме. Все формы легко скрещиваются с мягкой пшеницей, и потомство от таких скрещиваний имеет хорошую жизнеспособность. Для передачи генетического материала от этих форм не требуются ни моносомные серии, ни чужеродно добавленные линии, необходимые для традиционных методов передачи. С использованием каждой из них получен большой набор цитологически стабильных линий (21"), фенотипически близких к рекуррентным сортам Аврора, Кавказ и Безостая 1, но отличающиеся от них высоким уровнем устойчивости к местным популяциям листовой ржавчины и мучнистой росы. Были отобраны транслокационные и замещенные линии. Изучение замещенных линий из комбинаций Аврора/Авролата и Аврора/Аврокум выявила, что они отличаются по чужеродным хромосомам, полученных от одной и той же синтетической формы. Исходя из полученных данных, можно сделать вывод, что используемые синтетические формы являются более удобными источниками полезных генов, передача которых осуществляется гораздо легче, чем непосредственно от диких сородичей. Сорта озимой мягкой пшеницы Жировка и Фишт получены из комбинации (*T.miguschovae*/Безостая 1)/Сpartанка.

**USE OF SYNTHETIC FORMS FOR COMMON WHEAT IMPROVEMENT**

Davoyan R.O., Bebyakina I.V., Bessarab K.S.

Krasnodar Research Institute of Agriculture, Krasnodar, Russia

At present, there is a lack of the genes for some characters important for wheat breeding. Fortunately, in wheat wild relatives, there is a great diversity of such genes. Various techniques were developed to achieve useful transfers. One of the approaches involves use of synthetic forms instead of wild relatives of common wheat. In this technique four genome-substitution forms Avrodes, Avrosis, Avrolata, Avrocum where D-genome of Avrora variety was substituted to genomes of *Ae.speltoides*, *Ae.sharonensis*, *Ae.umbellulata*, *Ag.glaucum* and one genome-addition form (*Triticum miguschovae*) carrying genomes AG from *Tr.militinae* and D genome from *Ae.squarrosa* were used instead of wheat wild relatives. These forms represent a qualitatively new product in which genetic material of the wild relative has become more available. The above forms are relatively easily cross to the common wheat and the progeny of such crosses has good viability. For transferring of the genetic material from these synthetics neither monosomic series nor alien chromosome addition lines, necessary for the ordinary techniques of alien genetic material transfer to a wheat genome are needed. Through the use of each of the five forms a large set of cytologically stable lines (21") were developed by backcrossing. The most of them phenotypically similar to their recurrent parents Avrora, Kavkaz and Bezostaya 1 but differing from them in a high level of resistance to the local leaf rust and powdery mildew populations. In addition, some of them display a high protein and gluten content. The translocation and chromosome substitution lines were selected. The study of Avrora/Avrocum and Avrora/Avrolata substitution lines (chromosome pairing, resistance to the leaf rust and powdery mildew) showed that substituted lines had the different alien chromosome from each one synthetic form. Proceeding from the above data, it may be concluded that synthetic forms is a valuable donors of the useful genes that are transferred much more easily than from the natural wild relative. Zhirovka and Fisht winter wheat cultivars were developed from the cross (*T.miguschovae* / Bezostaya 1) / Spartanka.

## СПОНТАННЫЕ МУТАНТНЫЕ ЯРОВЫЕ ФОРМЫ ОЗИМЫХ ТРИТИКАЛЕ

Степочкин П.И.

Сибирский НИИ растениеводства и селекции, Новосибирск, Россия

Изучались две формы озимых гексаплоидных тритикале: УК 30, выделенный из популяции 8х тритикале УК 65 в 1985 г., и О.312, полученный сложными скрещиваниями 8х тритикале ЛМК 5 с гексаплоидным АД 3/5 в сравнении с озимой пшеницей Лютесценс 105. Посев проводили весной 1999 г. на общей площади 0,24 га.

Среди 602000 взошедших растений тритикале О.312 мы обнаружили 519 (0,0862%) яровых. У тритикале УК 30 яровых растений было 75 (0,0247%) из 303000 взошедших и у пшеницы Лютесценс 105 – всего 3 яровых растения из 293500 взошедших. Первые яровые типы растений стали проявляться спустя месяц после посева. В июле самые ранние растения зацвели. В августе большинство растений ярового типа имели уже зрелые семена. Все яровые растения были распределены в три группы по степени созревания.

Яровые растения тритикале различались по скороспелости, длине соломины, остистости, опушением и ряду других признаков. Тритикале О.312 характеризуется большим разнообразием морфотипов яровых растений. Это объясняется его большим уровнем гетерогенности вследствие гибридного происхождения. Тритикале УК 30 получен деполиплоидизацией или утерей 14 хромосом пшеницы из геномов октаплоидной формы УК 65, и наличие яровых форм и различных морфотипов растений в его популяции объясняется спонтанным мутационным процессом генов *vrn*. Большая доля яровых растений в популяции О.312 указывает на то, что в популяции гибридного тритикале помимо спонтанных мутаций, как в случае УК 30, имеет место еще и процесс рекомбинации генов, обусловленный гетерогенностью популяции тритикале гибридного происхождения. Возможно, что разница частот появления яровых растений между популяциями О.312 и УК 30, равная 0,0615, приходится на фактор гибридной гетерогенности тритикале.

В популяции низкостебельного тритикале УК 30, а также и у других низкостебельных форм в предыдущие годы возникали длинностебельные растения с частотой (0,015%–0,03%). Доля яровых растений в популяции УК 30 находится в этих же пределах. Поэтому можно утверждать, что формообразовательный процесс в популяции гексаплоидного тритикале УК 30, полученного в результате деполиплоидизации октаплоидного, идет за счет спонтанных мутаций, которые возникают с частотой 2–3 растения среди 10000 растений популяции. Гибридная гетерогенность популяции увеличивает эту частоту примерно в 3 раза, как в случае с тритикале О.312.

Частота появления спонтанных яровых мутаций в популяции озимой мягкой пшеницы Лютесценс 105 почти в сто раз меньше и составляет 1:100000 растений. По-видимому, более высокая частота появления яровых растений в популяциях озимых тритикале обусловлена наличием в их генотипе генома ржи.

Приведенные факты возникновения спонтанных яровых мутаций в популяциях озимых тритикале следует учитывать при разработке принципов семеноводства этих культур. В случае создания линий и сортов тритикале вести семеноводство и поддержание сортовой чистоты в несколько раз сложнее, чем при работе с пшеницей.

**SPONTANEOUS SPRING MUTANT FORMS OF WINTER TRITICALE***Styopochkin, P.I.*

Siberian research institute of plant breeding and selection, Novosibirsk, Russia

Two forms of winter hexaploid triticale have been studied: UK 30, extracted from a population of 8x triticale UK 65 in 1985, and O.312, received by complex crossings between 8x triticale LMK 5 and hexaploid AD3/5, in comparison with a winter wheat Lutescens 105. Crop sowing was carried out in the spring of 1999 on the total area of 0,24 ha.

We found 519 (0,0862%) spring plants among 602000 shoots of triticale O.312. There were 75 (0,0247%) spring plants among 303000 shoots of triticale UK 30, and only 3 spring plants emerged out of 293500 shoots of the wheat. The first spring types of plants appeared in a month after sowing. In July the earliest spring plants blossomed. In August most of the summer plants had mature seeds. All spring plants were distributed in three groups according to their maturity.

The summer plants of triticale varied on the date of maturity, stem length, awes, hairy neck and other features. Triticale O.312 is characterised by the large variety of morphotypes of spring plants. It is explained by its high level of heterogeneity owing to its hybrid origin. Triticale UK 30 is obtained by depoliploidisation or elimination of 14 chromosomes of common wheat from the genomes of an octaploid UK 65, and the presence of the spring forms and various morphotypes of plants in its population is explained by a spontaneous mutation process of *vrn* genes. The large proportion of summer plants in the population O.312 shows that in the population of the hybrid triticale besides spontaneous mutations, as it is in the case of UK 30, there also takes place a process of genes recombination, caused by heterogeneity of the population of the hybrid triticale. Difference between the frequencies of occurrence of spring plants in populations O.312 and UK 30 equal 0,0615 is presumably caused by the factor of hybrid heterogeneity of triticale.

In the previous years it was noticed that some proportion (0,01–0,03%) of long-stemmed plants occurred in the population of short-stemmed triticale UK 30 as well in other short-stemmed triticales. The percentage of the spring plants in UK 30 is within this range. Therefore we can state, that the process of formation in the population of hexaploid triticale UK 30, obtained in the process of depoliploidisation of 8x triticale, is caused by the spontaneous mutations which occur with the frequency 2–3 plants among 10000 shoots of the population. Hybrid heterogeneity of a population increases this frequency approximately 3 times as much, as in the case of triticale O.312.

The frequency of occurrence of spontaneous spring mutants in the population of winter common wheat Lutescens 105 almost one hundred times as less and has the proportion 1:100000 plants. Apparently, higher frequency of occurrence of spring plants in the populations winter triticale is caused by the rye genome.

The given facts of occurrence of spontaneous spring mutants in the populations of winter triticales should be taken into account under developing of the principles of triticale seed-growing. The creation of lines and commercial forms, seed-growing and maintenance of strain purity in triticale take much more efforts than that of wheat.

## ВЛИЯНИЕ ЧУЖЕРОДНОГО ХРОМАТИНА, НАХОДЯЩЕГОСЯ В ГЕНОТИПЕ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, НА ОТНОШЕНИЯ РАСЩЕПЛЕНИЙ У ГИБРИДОВ

Митрофанова О.П.<sup>1</sup>, Гультиева Е.И.<sup>2</sup>, Михайлова Л.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Государственный НЦ РФ Всероссийский НИИ растениеводства им. Н.И.Вавилова, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>2</sup> Всероссийский НИИ защиты растений, Санкт-Петербург, Россия

В процессе создания новых почти изогенных линий, несущих транслокации T5A/5R, T5B/5R и T6D/5R в генотипе ярового аналога сорта Мироновская 808, было изучено наследование гена *Ha2* (Hairy neck/Pubescent peduncle) как генетического маркера введенного сегмента хромосомы 5R ржи. Результаты анализа  $F_1$  гибридов в повторяющихся беккроссах от BC<sub>1</sub> до BC<sub>8</sub> и индивидуального анализа гибридных растений в F<sub>1</sub>–F<sub>3</sub> подтвердили имеющуюся в литературе информацию о модификациях менделевских отношений расщеплений (Smith, 1963; Sears, 1967; Mitrofanova, 1997). Также эти анализы показали, что у гетерозиготных гибридов с хромосомным составом 5A, 5A/5R наследование домinantного ингибитора остея, а именно *B1* гена, локализованного в хромосоме 5A, отличалось от ожидаемого ( $\chi^2=27,8$ ). В то время как фенотипические расщепления по тесно сцепленным генам *Hg* (Hairy glume) и *Bg* (Black glume colour), локализованным в хромосоме 1AS, соответствовали моногибридному (3:1,  $\chi^2=2,4$ ). На основании этого факта было сделано предложение использовать скрещивания с такими генетическими линиями для ориентировочной локализации новых мутаций в хромосомах мягкой пшеницы. Чтобы проверить такой подход, был собран небольшой набор линий, содержащих чужеродные транслокации и замещения целых хромосом от видов *Secale*, *Elytrigia* и *Aegilops*. Были получены гибриды от скрещивания этих линий с линией Л-7163-12 и с озимыми сортами мягкой пшеницы Parker (США), Parker 5 (США), СО 725049 (США), СО 725082 (США) и №30432 (Румыния). Линия Л7163-12 – источник доминантного маркера *Hs L1* (Hairy leaf sheath), а сорта – источники эффективных генов устойчивости к бурой ржавчине. Проведенный гибридологический анализ показал, что ген *Hs L1* не локализован в хромосомах 5B и 6D, и ген *Ha2* ржи не оказывает существенного влияния на его фенотипическое проявление. Напротив, многие из гибридов F<sub>2</sub>, полученные от скрещивания названных выше сортов с тестерными линиями, которые были неустойчивы к бурой ржавчине, показали отклонения в расщеплениях. Все отклонения проявились в увеличении численности класса неустойчивых растений. Какой-либо закономерной зависимости между выявлением отклонения и принадлежностью вида-донора чужеродной хромосомы к определенному роду не найдено. Наиболее вероятно, что у гибридов появление излишка неустойчивых к бурой ржавчине растений происходило благодаря неспециальному подавлению действия эффективных генов устойчивости чужеродным генетическим материалом, введенным в генотип мягкой пшеницы.

**INFLUENCE OF ALIEN CHROMATIN INCORPORATED INTO WHEAT BACKGROUND ON SEGREGATION RATIOS IN HYBRIDS**

Mitrofanova, O.P.<sup>1</sup>, Gultayeva, E.I.<sup>2</sup>, Mihailova, I.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> N.I.Vavilov All-Russia Institute of the Plant Industry, St. Petersburg, Russia;

<sup>2</sup> All-Russia Institute of the Protection of Plants, St. Petersburg, Russia

During creation of new near-isogenic lines carrying T5A/5R, T5B/5R and T6D/5R translocations into spring analogue of cultivar Mironovskaya 808 background inheritance of *Ha2* (Hairy neck/Pubescent peduncle) as a genetic marker of incorporated segment of chromosome 5R from rye has been investigated. The results of *F*<sub>1</sub> analysis in recurrent backcrosses from BC<sub>1</sub> up to BC<sub>8</sub> and individual hybrid analysis of F<sub>1</sub>–F<sub>3</sub> plants have confirmed the information available in literature about modifications of Mendelian segregation ratios (Smith, 1963; Sears, 1967; Mitrofanova, 1997). Also, these analyses have shown that in heterozygous hybrids with chromosome constitution 5A, 5A/5R inheritance of dominant inhibitor of awns, namely *B1*, localised on chromosome 5A, differed from expected ( $\chi^2=27,8$ ). While the phenotypic segregations for closely linked genes *Hg* (Hairy glume) and *Bg* (Black glume colour) located on chromosome 1AS did not significantly differ from monohybrid ratio (3:1,  $\chi^2=2,4$ ). On the basis of these data the proposal has been made to use crosses to such genetic lines for approximate locations of new mutations on bread wheat chromosomes. To test this approach the special set of lines containing alien translocations and whole alien chromosome substitutions from *Secale*, *Elytrigia* and *Aegilops* species have been collected. Hybrids from crossing of these lines to spring bread wheat line L-7163-12 and to winter bread wheat cultivars Parker (USA), Parker 5 (USA), CO 725049 (USA), CO 725082 (USA), and N30432 (Romania) have been developed. Line L-7163-12 is a source of dominant marker *Hs L1* (Hairy leaf sheath) and the cultivars are sources of effective genes for leaf rust resistance. The genetical analysis, that has been carried out, showed that *Hs L1* gene is not located on chromosomes 5B and 6D, and that *Ha2* gene of rye has unessential influence on his phenotypic expression. On the contrary, many of the *F*<sub>2</sub> hybrids, obtained by crossing between the named above cultivars and collected tester lines, which were also susceptible to leaf rust, segregated in ratios, which were altered in comparison with expected ones. All deviations were connected with increase of numbers susceptible plants. Any predictable dependence between revealing of deviation and belonging of species-donor of alien chromosome to certain genus has not been found. It seems more probable, that the observed increasing of numbers susceptible plants occurred due to non-specific suppression of effective leaf rust resistance genes by alien genetic material incorporated into bread wheat background.

## РЕКОНСТРУКЦИЯ ГЕНОМА ПШЕНИЦЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ВИДА *AEGILOPS SPELTOIDES TAUSCH.*

Лапочкина И.Ф., Власова Е.В., Ячевская Г.Л.

Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Центральных районов Нечерноземной зоны, Московская область, Россия

Успешная реализация генетического потенциала дикорастущих видов в практической селекции зависит от качества исходного материала, создаваемого методом отдаленной гибридизации. Слишком большой объем чужеродного генетического материала в геноме пшеницы ограничивает его применение для улучшения современных сортов. Для ограниченного переноса генетической информации от вида *Ae.speltoides* в геном пшеницы использовали облучение пыльцы вида-донора. В результате эксперимента создан генетический банк пшенично-эгилопсных линий с небольшой частью генома донора. В нем насчитывается около 100 яровых дисомнодополненных линий (ДДЛ) ( $2n=44$ ), сгруппированных в 18 кластеров, 30 линий ( $2n=42$ ) с замещениями, транслокациями и рекомбинациями, а также 67 генотипов ( $2n=42$ ,  $2n=44$ ,  $2n=46$ ) с озимым образом жизни. Часть генотипов несет высокоэффективные неизвестные гены устойчивости к бурой и стеблевой ржавчинам, мучнистой росе. Причем эти гены детерминируют иммунитет, как на стадии проростков, так и в стадии взрослого растения. Среди линий сформированной коллекции обнаружены формы с высоким содержанием белка (до 18–19% на фоне отсутствия применения удобрений), высоким уровнем седimentации и качества клейковины, с устойчивостью к полеганию, с высокой продуктивностью, обусловленной крупностью зерна или развитием большого числа колосков в колосе, а также с хорошей зимостойкостью на уровне St. сорта Инна. Среди других хозяйствственно-ценных признаков у некоторых линий следует отметить хорошую скрещиваемость с рожью и способность к гомеологичной конъюгации хромосом в мейозе. Генотипы с устойчивостью к фитопатогенам и повышенным числом колосков в колосе отнесены к линиям-донорам, так как эффективно передают свои признаки потомству. В коллекции имеются формы с новыми и редкими для мягкой пшеницы генами, детерминирующими прирастание цветочной пленки к зерновке, извитые и инфлятные ости, которые представляют интерес для хромосомного картирования генома злаковых. Коллекция изучается в нескольких институтах. К настоящему времени у ДДЛ, относящихся к I и VII кластерам, с устойчивостью к бурой ржавчине и мучнистой росе в дополненном состоянии обнаружены рекомбинантные хромосомы *Ae.speltoides*. У двух озимых и одной яровой линии идентифицированы замещения по  $7A/7S$  хромосоме. Линии с такими замещениями имеют красно-коричневый колос с отсутствием воскового налета на нем, устойчивы к бурой ржавчине и эффективно подавляют *Ph* систему мягкой пшеницы. У других гексаплоидных генотипов устойчивость к фитопатогенам связана с  $2BL\cdot2SL$ ,  $IBL\cdot1SS$  или  $5AL\cdot5SL$  транслокациями. Исследование электрофоретических спектров глиадинов большинства линий показало их отличие от исходного ярового сорта Родина и наличие множественных рекомбинаций, связанных с 1 и 6 гомеологичными группами хромосом (Пшеничникова Т.А., 2000, персональное сообщение). Генетическое разнообразие коллекции предлагается использовать в селекционно-генетических исследованиях.

## RECONSTRUCTION OF COMMON WHEAT GENOME BY *AEGILOPS SPELTOIDES TAUSCH.* GENOME

Lapochkina, I.F., Vlasova, E.V., Yatchevskaya, G.L.

Agricultural Research Institute of Central Regions of Non-Chernozem Zone, Nemchinovka 1,  
Moscow Region, Russia

The successful realization of genetic potential of wild species in practical selection depends on the quality of the original material created by a method of distant hybridization. Excessive volume of alien genetic material in wheat genome limits its use for improvement of modern varieties. The irradiation of pollen of wild donor species was used for the limited transfer of the genetic information from *Ae.speltoides* to wheat genome. As a result of experiment the genetic bank was created of wheat-*Aegilops* lines with a small part of the donor genome. There are about 100 spring disomic addition lines ( $2n=44$ ), grouped to 18 clusters, 30 hexaploid lines with substitution, translocation and recombination, and also 67 winter genotypes ( $2n=42$ ,  $2n=44$ ,  $2n=46$ ) in this collection. Some genotypes carry highly effective unknown resistance genes to brown and steam rusts, mildew. These genes determine immunity both at seedling stage and adult plant stage. There are lines with the high wet protein content in grain (18–19% without application of fertilizers), high level of sedimentation and quality of gluten; lines with resistance to lodging, with high productivity caused by seed size or by development of a greater number of spikelets per ear and a number of grains per spike as well as with good winter hardiness as in the standard winter cv. Inna. Among the other valuable features it is necessary to note good crossability with rye and ability to promote homoeologous pairing of chromosomes at meiosis in some genotypes. The genotypes with resistance to brown rust and with development of more spikelets per ear are referred to the lines-donors, as efficiently transfer the features to progeny. In the collection there are forms with new and rare genes for soft wheat (for example, lemma adhering to the grain, wavy awns and hooded awns), which are of interest for mapping of cereal genome. Now the collection undergoes the laboratory studies in several institutes (Institute of Cytology and Genetics, Institute of Phytopatology, Main Botanical Garden and Agricultural Institute of Non-Chernozem Zone).

At the present time we found recombinant *Ae.speltoides* chromosomes in disomic addition lines possessing resistance to brown rust and mildew and relating to clusters I and VII accordingly. Substitution on 7A/7S chromosomes is identified in two winter and one spring lines. The lines with such substitution have a red-brown waxless ear, are resistant to brown rust and effectively suppress P/r-system of common wheat. In others hexaploids the resistance to brown rust and mildew is connected with 2BL·2SL, 1BL·1SS or 5AL·5SL translocations. The research of the gliadin spectra of most lines has shown their difference from recurrent spring cv. Rodina and presence of multiple recombinations relating to the homoeological groups I and 6 of chromosomes (Pshenichnikova T., 2000, personal message). Genetic diversity of the collections are offered to be used in genetic and selection researches.

## ТЕТРАПЛОИДНЫЕ ТРИТИКАЛЕ КАК МОДЕЛЬ ДЛЯ ФОРМИРОВАНИЯ ГИБРИДНЫХ ГЕНОМОВ ЗЛАКОВ

Дубовец Н.И.

Институт генетики и цитологии НАН, Минск, Беларусь

На материале тетраплоидных тритикале, использованных в качестве модельного объекта, изучен процесс формирования гибридного генома (миксогенома), что весьма важно для понимания эволюционного становления некоторых полиплоидных видов злаков. В ходе кариотипирования популяций 4x-тритикале в ряду нескольких поколений ( $F_6$ – $F_{16}$ ) установлено, что скорость стабилизации хромосомного состава (подбор пар гомологов) в разных гомеологических группах пшеничного компонента различна. Как следствие этого, отмечены два типа межгеномных рекомбинаций, сопровождающих формирование миксогенома. В группах с высокой скоростью стабилизации рекомбинации осуществляются на уровне целых хромосом. В группах с низкой скоростью, где длительное время сохраняется гетерогеномный состав, возможны рекомбинации генетического материала на уровне фрагментов хромосом. В исследованном материале выявлено большое количество растений с крупными реципрокными транслокациями между гомеологами А и В геномов пшеницы 1, 2 и 3-й гомеологических групп. Именно эти группы имеют низкую скорость стабилизации хромосомного состава, которая, очевидно, является следствием коньюгации гомеологических хромосом в период гаметогенеза. Последнее свидетельствует о наличии структурной гомологии хромосом А и В геномов пшеницы перечисленных гомеологических групп. Обсуждаются возможные причины существования этой гомологии, а также факторы, оказывающие влияние на подбор гомологов в группах с высокой скоростью стабилизации хромосомного состава. Отмеченные при формировании гибридного генома два типа межгеномных рекомбинаций обеспечивают высокую степень генетической дифференциации гибридного материала и создают предпосылки для быстрой его эволюционной дивергенции.

## TETRAPLOID TRITICALES AS A MODEL OF CEREALS HYBRID GENOME FORMATION

*Dubovets, N.I.*

Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, Minsk, Belarus

The process of hybrid genome formation which played an important role in the evolutionary development of some cereals polyploid species was studied in terms of tetraploid triticale material used as a model object. During karyotyping 4x-triticale populations in a series of the subsequent generations ( $F_6$ - $F_{16}$ ) it was revealed that the stabilization rate of the chromosome composition (the homologous pair selection) in different homoeologous groups was different. As a result two types of intergenomic recombinations accompanying the mixogenome formation were noted. Recombinations occurred at the level of intact chromosomes in high-rate stabilization groups. Recombinations of genetic material at the level of chromosome fragments were possible in low-rate groups where the heterogenomic chromosome composition remained for a long time. A great number of plants with large reciprocal translocations between homologues of A and B wheat genomes in the 1, 2 and 3 homoeologous groups was revealed in the material investigated. Just these groups had a low stabilization rate of the chromosome composition that, evidently, resulted from the homoeologous chromosome conjugation during gametogenesis. The later pointed to the presence of structural homology between A and B wheat genome chromosomes in the enumerated homoeologous groups. The possible causes of such homology existence and the factors affecting the homologue selection in groups with a high rate of chromosome composition stabilization are discussed. Two types of intergenomic recombinations observed during hybrid genome formation provide a high degree of genetic differentiation in hybrid material and create the prerequisites for its fast evolutionary divergence.

**Секция 3 / Session 3****ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ МИНЕРАЛЬНОГО ПИТАНИЯ РАСТЕНИЙ***Гамзикова О.И.*

Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

Генетические исследования механизмов реакции растений на условия минерального питания являются одним из приоритетных направлений современной биологии. К настоящему времени установлено, что поглощение и метаболизм макроэлементов в растении контролируется сложными системами аддитивно и неаддитивно действующих генов. Эти системы динамичны во времени и находятся в сильной зависимости от условий среды.

Сложность структуры генетического контроля питания гексаплоидной пшеницы азотом, фосфором и калием предполагает вклад большого числа генов (или их блоков), расположенных, видимо, в разных хромосомах. Доказательства участия аллелей ряда хромосом пшеницы в детерминации поглощения, распределения азота почвы и удобренний по растению и продуктивности получены в экспериментах с дителосомными линиями, созданными О.И.Майстренко (1973). Установлено, что из 14-ти изученных признаков наиболее сложно, если принимать во внимание количество хромосом, координируются процессы поступления азота в зерно. Гены меньшего числа хромосом участвуют, например, в контроле за активностью нитратредуктазы. При изучении 26 дителосомных линий установлено, что хромосомы генома B вносят наибольший вклад по сравнению с двумя другими геномами пшеницы в детерминацию признаков, контролирующих поглощение и метаболизм азота в растении.

Вклад отдельных хромосом в параметры агрохимического статуса пшеницы изучался на замещенных линиях, полученных в ИЦиГ СО РАН (Майстренко, 1987; Гайдаленок, 1990). Показано, что наиболее сильный эффект в генетической среде сорта мягкой яровой пшеницы Саратовская 29 проявляют гены хромосомы 5A от озимых сортов доноров. Вклад хромосомы 5A, привнесенной в генотип этого же реципиентного сорта от ярового сорта интенсивного типа Janetskis Probat, менее значим. Результаты изучения линий с межсортовым замещением хромосом указывают на практические аспекты применения метода переноса хромосом. В частности, он может быть использован для изменения у существующих сортов нормы реакции на условия минерального питания с целью придания им свойств большей отзывчивости на агрофон.

Рассмотренные подходы к изучению генетики минерального питания растений будут эффективны и в отношении всех микроэлементов, а также большого спектра поллютантов.

## GENETIC ASPECTS OF PLANT MINERAL NUTRITION

Gamzikova, O.I.

Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia

Genetic research of the mechanisms of plant response to the conditions of mineral nutrition becomes one of the topical trends in modern biology.

It is known nowadays that macroelements uptake and metabolism are controlled by complicated systems of genes that act the additive and non-additive manner. These systems are being regulated in terms of development and are dependent on the environment.

The complex structure of genetic control over the nutrition of hexaploid wheat of nitrogen phosphorus and potassium involves numerous genes or gene clusters, seemingly located on various chromosomes. The evidence for the active role of alleles of some wheat chromosomes in uptake of nitrogen from soil and fertilizers and its distribution though the plant came from experiments with ditelosomic lines obtained O.I.Maystrenko (1973). Of 14 investigated traits, the processes of nitrogen delivery to grain were found to be controlled by the greatest number of chromosomes. During the experiments being discussed 26 ditelosomic lines was found that chromosomes of the B genome had the highest on characters nitrogen uptake and metabolism, comparing with the A and D genomes.

Effects of individual chromosomes on agrochemical indices of wheat were studied on intervarietal substitution lines, obtained at the Institute of Cytology and Genetics SB RAS (Maystrenko, 1987; Gaidalenok, 1990). Field experiments demonstrated that genes of chromosome 5A from winter wheat donors had the maximum effect in the genetic environment of the spring cultivar Saratovskaya 29. The contribution of 5A chromosome brought into the same recipient from the intensive spring cultivar Janetkis Probat is less significant. Studies on lines with intervarietal chromosome substitutions point to the possible practical application of response to mineral nutrition in existing cultivars to make them more sensitive to agrotechnology.

It was proposed the general outline of a concept of breeding of agrochemistry effective cultivars.

The reviewed approaches to analysis of genetics of a mineral nutrition of plants will be effective and concerning all trace elements, and also large spectrum pollutions.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ЭФФЕКТ ХРОМОСОМЫ 3В НА ЯРОВИЗАЦИЮ, РЕАКЦИЮ НА ФОТОПЕРИОД И СКОРОСПЕЛОСТЬ У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Панкова К., Коснер Дж.

НИИ сельскохозяйственных культур, Прага – Рузине, Чехия

Изучены замещенные линии пшеницы с хромосомой 3B от сорта «Чешка Пресивка» на генетическом фоне сортов с различной отзывчивостью на яровизацию и реакцией на фотопериод («Здар», «Вала», «Кошутка», «Яра» и «Сандра») одновременно с этими сортами в условиях короткого и длинного фотопериода. Полученные результаты показывают, что ген(ы), находящиеся в хромосоме 3B сорта «Чешка Пресивка», не контролируют или, по крайней мере, не влияют существенно на отзывчивость на яровизацию. Однако их влияние на реакцию на фотопериод вполне возможно. Независимый эффект генов хромосомы 3B сорта «Чешка Пресивка» на скороспелость *per se*, а также их взаимодействие с генами реакции на фотопериод весьма вероятны.

## GENETIC EFFECT OF 3B CHROMOSOME ON VERNALIZATION, PHOTOPERIOD RESPONSE AND EARLINESS IN WHEAT

Pankova, K., Kosner, J.

Research Institute of Crop Production, Prague – Ruzyně, Czech

Wheat substitution lines with the chromosome 3B of Česká Přesívka, substituted to genetic background of the selected cultivars (Zdar, Vala, Košutka, Jara and Sandra) with different vernalization and photoperiod requirements, were examined together with original cultivars under short and long photoperiod. Obtained results indicate that the gene/s located on chromosome 3B of Česká Přesívka do not control or significantly affect vernalization response. However their relationship to photoperiod response is more probable, and independent impact of the 3B chromosome genes of Česká Přesívka – earliness *per se* and its possible interaction with photoperiod response is most likely.

In the present study the responses of wheat genotypes to vernalization based on vernalization traits like emergence of primary tillering in grain were found to be similar. Based on the greater number of observations covering the experiments being discussed no statistically clear was found that chromosomes of the 3B group have influence on carbohydrate uptake and metabolism, comparing with the 3A and 3D groups.

Effects of different substitutions on physiological indices of wheat were studied in vernalized substitution lines reported at the Institute of Genetics and Breeding SB  
Academy of Sciences of the Czech Republic (Vojtěchová et al., 1997). Considering, however, Field experiments clearly demonstrated that genes controlling the winter wheat vernalization had the greatest effect on the synchronization of the springing of these barley varieties. The synexpression of 3B chromosome should help the wheat spring from the vernalized spring, although breeding Praha 1000 (Kosner et al., 2002) and other early vernalized lines (e.g. Vojtěchová et al., 1997) are probably more promising to develop the wheat to vernalize earlier in the field and responsive to shorter daylength.

It was proposed the general outline of a concept of breeding of vernalized winter wheat cultivars.

The proposed approach to analysis of genes of a vernalization of plants will include the sequencing all three genomes and also large genomic polymorphisms.

## СОЗДАНИЕ ИЗОЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, НЕСУЩИХ ГЕНЫ *RL*, КОНТРОЛИРУЮЩИЕ ПРИЗНАК «СВЕРНУТЫЕ ЛИСТЬЯ»

Богданова Е.Д.

Институт физиологии, генетики и биоинженерии растений РК, Алматы, Казахстан

Свертывание листьев – адаптивный признак, широко распространенный у засухоустойчивых растений степей и пустынь. Цель исследований – создание коллекции изолиний пшеницы, несущих гены *RL*. Работа проводилась на полях Казахского Института земледелия им. В.Р.Вильямса. Были использованы: линия озимой пшеницы Грекум 476 (*Tr.aestivum L.*) – донор двух доминантных генов и несколько сортов яровой пшеницы разных экотипов. Введение генов *RL* в разные сорта проводилось методом беккроссов. В каждом гибридном поколении отбирались растения, несущие вводимый признак и сохраняющие длительное функционирование листьев. Большинство сортов, возделываемых в Казахстане, имеет обычное строение листьев. Начиная с фазы колошения, они располагаются параллельно поверхности почвы, усиление инсоляции вызывает опускание кончика листа. При снижении уровня влаги в тканях листа до летального лист свертывается в виде двух валиков вдоль центральной жилки. Изолинии свертывают листовую пластинку по спирали, она принимает цилиндрическую или игловидную форму. Испаряясь с поверхности листа влага не улетучивается, а абсорбируется и скапливается внутри цилиндра, благодаря чему в жаркие часы дня листья сохраняют тurgесцентное состояние. Наряду со свертыванием листьев наблюдается изменение их положения по отношению к потоку солнечной радиации в течение дня. Упомянутые выше признаки сочетаются у изолиний с более длительным функционированием листьев. Способность листьев оставаться зелеными в течение длительного времени свидетельствует о высокой устойчивости растений к болезням листьев, засухо- и жароустойчивости. Изменение формы и положения листьев у изолиний в зависимости от температуры и влажности окружающей среды является приспособительной реакцией, регулирующей водный баланс растений.

## BREEDING OF ISOLINES OF SOFT WHEAT CARRYING *RL* GENES CONTROLLING THE LEAF ROLLING EFFECT

*Bogdanova, E.D.*

Institute of Plant Physiology, Genetics and Bioengineering, Almaty, Kazakhstan

Leaf rolling is adaptive trait typical for drought-resistant of steppe and desert grasses. The objective of this study was the isolines breeding of collection of wheat carrying *RL* genes. The experiments were performed in the Williams Institute of Agricultural in Kazakhstan. The line of winter wheat Grecum 476 (*Tr.aestivum L.*) which is a donor of two dominant genes *R11 R12* and several spring wheat cultivars of different ecological types were used. *RL* genes were introduced in spring wheat cultivars by backcrossing. Control over introduced genes has been supplemented by selection of hybrid lines with rolling leaves and for green leaf duration (GLD). The leaves of most of cultivars of Kazakhstan have ordinary structure. From the ear emergence stage, the leaves are arranged parallel to the soil surface and an increase in solar radiation results in drooping of the leaf tips. When the water content in the leaf tissues declines to the lethal level, the leaves roll up, forming two cylinders parallel to the central vein. The isolines roll up in a spiral their leaves, so that a cylinder formed or became needle-shaped. The water, evaporating from the leaf surface does not escape, but is absorbed and retained within the cylinder, ensuring leaf turgescence during the hot daytime. Besides rolling up, the leaves of isolines can also change their position with respect to the direction of solar radiation during the day. These traits in isolines are combined with GLD. The stay-green trait has been credited with greater tolerance to leaf diseases, drought and heat resistance. Leaf rolling typical of isolines is an adaptive trait reducing water loss via transpiration and, thus controlling plant water metabolism.

## АКТИВНОСТЬ ФЕРМЕНТОВ SH/SS-МЕТАБОЛИЗМА И КАЧЕСТВО КЛЕЙКОВИНЫ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ С МЕЖСОРТОВЫМ ЗАМЕЩЕНИЕМ ХРОМОСОМ 1 И 6 ГОМЕОЛОГИЧЕСКИХ ГРУПП

Труфанов В.А.<sup>1</sup>, Кичатинова С.В.<sup>1</sup>, Пермякова М.Д.<sup>1</sup>, Пшеничникова Т.А.<sup>2</sup>,  
Майстренко О.И.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск

<sup>2</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск

По современным представлениям физические свойства белкового комплекса клейковины в значительной мере определяются содержанием в запасных белках внутри- и межмолекулярных S-S-связей, образование, распад и изомеризация которых катализируется сложной системой ферментов SH/SS-метаболизма. Считается, что среди ферментов, участвующих в создании и регуляции SS/SН-статуса запасных белков *in vivo*, ключевая роль принадлежит ферментам с тиолоксидазной и дисульфидредуктазной активностью. Нами сопоставлены основные показатели качества и активность ферментов у замещенных линий (ЗЛ) пшениц Диамант I/Новосибирская 67 по хромосомам 1A, 1B, 1D, 6A, 6B и 6D, контролирующим синтез запасных белков, и двойной ЗЛ Дм/H67 1A6D. Анализ результатов 3-летних полевых опытов показал, что эффекты замещения в линиях Дм/H67 1A и Дм/H67 6D в сравнении с сортом-реципиентом проявились в достоверном увеличении показателей силы муки, упругости, растяжимости и устойчивости теста и величине валориметрической оценки и в снижении значений показателей Р/L и разжижения теста. По результатам лабораторных выпечек линия Дм/H67 1D превосходила реципиент и другие ЗЛ по объемному выходу хлеба. Одновременно в зерновках этих линий изменилась активность ферментов, катализирующих *in vivo* образование и распад S-S-связей: возросла активность линолеат:кислород оксидоредуктазы (Lpx, КФ 1.13.11.12) и снизилась активность тиол:протеин-дисульфид оксидоредуктазы (Red, КФ 1.8.4.2).

Это привело к достоверному количественному изменению соотношения активностей Lpx/Red и, как следствие, к увеличению SS/SН-соотношения в запасных белках, определяющего структурно-функциональное состояние и физические свойства белкового матрикса клейковины. В двойной ЗЛ Дм/H67 1A6D положительные эффекты замещения хромосом по изученным признакам проявились в более выраженной форме. Предположительно, в хромосомах 1A и 6D локализованы гены, контролирующие синтез и/или регуляцию активности ферментов SH/SS-обмена.

**ACTIVITY OF SH/SS-METABOLISM ENZYMES AND GLUTEN  
QUALITY IN WHEAT LINES WITH INTERVARIETAL SUBSTITUTION  
OF CHROMOSOMES OF 1 AND 6 HOMOEOLOGICAL GROUPS**

*Trufanov, V.A.<sup>1</sup>, Kichatinova, S.V.<sup>1</sup>, Permyakova, M.D.<sup>1</sup>, Mitrofanova, T.N.<sup>1</sup>,  
Pshenichnikova, T.A.<sup>2</sup>, Maystrenko, O.I.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS, Irkutsk, Russia

<sup>2</sup> Cytology and Genetics Institute SB RAS, Novosibirsk, Russia

In present understanding, physical properties of gluten protein complex are determined largely by the content of intra- and intermolecular S-S-links in the storage proteins. Formation, destruction and isomerization of these links are catalyzed by a complex system of SH/SS metabolism enzymes. The key role among enzymes participating in the creation and regulation of SH/SS status of storage proteins *in vivo* is ascribed to enzymes having thiol oxidase and disulphide reductase activities. We compared major parameters of quality and enzyme activity of Diamant 1/ Novosibirskaya 67 and double Dm/N67 1A6D substituted lines (SL) on chromosomes 1A, 1B, 1D, 6A, 6B and 6D that control synthesis of storage proteins. The results of three- years field tests demonstrated that the substitution effects in the lines Dm/N67 1A and Dm/N67 6D compared to the variety-recipient showed the reliable increase of flour strength, tension, dough extension and tenacity, and of valorimetric assessment value, and the decrease of P/L values and dough dilution parameters. According to the results of laboratory baking tests Dm/N67 1D line exceeded the recipient and other SL by the bread volume. Simultaneously in grains of these lines enzyme activity catalyzing *in vivo* formation and destruction of S-S-links is change: that is linoleate:oxygen oxidoreductase (Lpx EC 1.13.11.12) activity went up and thiol:protein disulphide oxidoreductase (Red, EC 1.8.4.2) activity went down. This led to reliable change in the Lpx/Red proportion and, consequently, to the increasing of SS/SH proportion in storage proteins the former being responsible for structural-functional state and physical properties of gluten protein matrix. In the double SL Dm/N67 1A6D positive effects of chromosome substitution were better expressed in the characteristics studied. 1A and 6D chromosomes are suggested to localize the genes controlling synthesis and/or regulation of SH/SS exchange enzymes activity.

## ЗИМОСТОЙКОСТЬ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ СИБИРИ: ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИСТОЧНИКИ ТРЕБУЕМОЙ УСТОЙЧИВОСТИ И КАЧЕСТВА ЗЕРНА

Чекуров В.М., Козлов В.Е.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Высокая выраженность таких признаков как зимостойкость, урожайность и качество зерна – необходимое свойство любого сорта озимой пшеницы в зоне его возделывания. В Сибири длительность зимовки растений составляет от 5 месяцев на юге территории до 7–7,5 месяцев в северной части зоны земледелия. Температура почвы на глубине узла кущения растений может опускаться ниже  $-26^{\circ}\text{C}$ . В годы с малым накоплением снега на полях и сильными морозами воздействие низких температур на почву возможно более месяца. Использовано несколько источников генетического разнообразия для селекции на зимостойкость и качество зерна. Во-первых, генотипы с длительностью глубокого покоя, равного продолжительности зимовки. Их селектировали среди сортов озимой пшеницы, возделываемой в Европейской части России. Во-вторых, гибриды между генотипами первой группы и наиболее морозостойкими растениями из сорта озимой пшеницы Ульяновка. Этот сорт более 25 лет был стандартом морозостойкости для озимой пшеницы в Советском Союзе. В-третьих, гибриды сортов озимой пшеницы с инбредными ( $J_5$ ) клонами пырея бескорневищного (*Agropyron glaucum* L.), дикого сородича пшеницы. В-четвертых, коллекция генотипов озимой пшеницы, собранная во Всесоюзном институте растениеводства им. Н.И. Вавилова. Первым этапом селекции на зимостойкость был отбор на выживание под глубоким снежным покровом. Это был отбор на длительность глубокого покоя, равную продолжительность зимовки. Вторым этапом был отбор на выживание под тонким слоем снега в степи. Это был отбор на морозостойкость. Наиболее эффективными источниками генетического разнообразия по зимостойкости и качеству зерна оказались первые три группы генотипов. В результате получена обширная коллекция генотипов, сочетающих высокую зимостойкость и высокие технологические качества зерна, удовлетворяющих требованиям стандарта для сильных и ценных пшениц.

**WINTERHARDINESS OF WHEAT IN SIBERIA: GENETIC SOURCES OF REQUIRED WINTERHARDINESS AND GRAIN QUALITY***Chekurov, V.M., Kozlov, V.Ye.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

A high level of expression of winterhardiness, yield and grain quality is essential for any variety of winter wheat. In Siberia, the length of overwintering varies between 5 months in the southernmost arable lands and 7–7.5 months in the northernmost arable lands. Soil temperatures at the depth of the tillering zone may be  $-26^{\circ}\text{C}$  and even lower. In the years when snow layers are thin and frosts are heavy, such low soil temperature can persist for over one month. To breed for winterhardiness and grain quality, we used a few sources of genetic diversity. First, genotypes with the state of hardening lasting for as long as overwintering. These were reared from among winter wheat varieties grown in the European part of Russia. Secondly, hybrids between these genotypes and the most frost-resistant plants of the winter wheat Ulyanovka. In the Soviet Union, this variety had been the winter wheat frost-resistance standard for 25 years. Thirdly, the hybrids between winter wheats and *J*, inbred clones of *Agropyron glaucum L.*, a wild related species of wheat. Finally, the winter wheat genotypes collection in the Vavilov All-Union Institute of Plant Breeding. As the first stage of breeding for winterhardiness, plants were selected for survival under a thick snow layer. That was selection for a long persistence in the hardened state—as long as overwintering itself. At the second stage, selection was run for survival under a thin snow layer in the steppe. That was selection for frost-resistance. The best sources of genetic diversity with respect to winterhardiness and grain quality were the first three groups of genotypes. The result of it is an impressive collection of genotypes combining high winterhardiness and high grain qualities, quite up to standards for strong and valuable wheats.

**Секция 4 / Session 4**

**ГЕНОМНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ ПОЛИПЛОИДНЫХ ПШЕНИЦ**

Фелдман М., Озкан Х., Лиу Б., Хан Ф., Бессудо К., Графи Г., Леви А.А.

Dept. of Plant Sciences, The Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel

У мягкой пшеницы недавно выделены 15 хромосомо- и 4 геномо-специфичных некодирующих последовательности ДНК (CSS и GSS, соответственно), они локализованы в хромосомных плечах и секвенированы. Эти CSS и GSS последовательности присутствуют у диплоидных видов родов *Triticum* и *Aegilops*, включая предков полиплоидных пшениц, но у полиплоидов они встречаются только в одном геноме – A, B или D. Изучение недавно созданных амфиплоидов показало, что элиминация этих последовательностей из одного генома у тетраплоидов и из двух геномов у гексаплоидов была не случайной и произошла вскоре после полиплоидизации (за одно или два поколения). Эта вызванная полиплоидизацией элиминация последовательностей представляет собой один аспект генетических изменений, которые происходят вследствие полиплоидизации и обеспечивают гармоничное сосуществование различных геномов в одном ядре. В данном случае эти изменения увеличивают дифференциацию гомеологичных хромосом на полиплоидном уровне, обеспечивая таким образом физическую основу для мейоза диплоидного типа, характерного для полиплоидных пшениц. Используя серию линий с делециями, мы обнаружили, что эти последовательности расположены кластерами в двух–трех районах вдоль каждого хромосомного плеча, превращая их в гомологично-специфичные районы или районы определяющие гомологию (HDRs). Последние данные показывают, что все CSS и GSS последовательности содержат по крайней мере один PRE (polycomb-response element) сайт ответственный за связывание специфических премейотических поликомб белков. Следовательно, эти HDR районы могли бы быть вовлечены в процесс распознавания и привлечения гомологов, а также в процесс инициации конъюгации на ранних стадиях мейоза.

## GENOME EVOLUTION IN POLYPLOID WHEAT

Feldman, M., Ozkan, H., Liu, B., Han, F., Bessudo, C., Graffi, G., Levy, A.A.

Dept. of Plant Sciences, The Weizmann Institute of Science, Rehovot, Israel

Fifteen chromosome- and four genome-specific, low copy, non coding DNA sequences (CSSs and GSSs, respectively) were recently isolated from bread wheat, allocated to chromosome arms and sequenced. These CSSs and GSSs exist in the diploid species of *Triticum* and *Aegilops*, including the progenitors of polyploid wheats, but in the polyploid they occur in only one genome, either in A, B or D. Study of newly synthesized amphiploids showed that elimination of these sequences from one genome in tetraploid and from two genomes in hexaploids was non random and occurred soon (within one or two generations) after polyploidization. This polyploid-induced sequence elimination represents one aspect of genetic changes that occur due to polyploidization and bring about harmonious coexistence of the different genomes in the same nucleus. In this case, the augmented differentiation of the homoeologous chromosomes at the polyploid level thus, providing the physical basis for the diploid-like meiotic behavior that characterize polyploid wheat. Using a series of deletion lines, it was found that these sequences are clustered in two-three regions along each chromosome arm, making them homologous specific regions or homology determining regions (HDRs). Recent data indicate that all the CSSs and GSSs contain at least one PRE (polycomb-response element) which bind specific premeiotic polycomb proteins. Hence, these HDRs might be involved in homolog recognition and attraction as well as in the initiation of pairing during the early stages of meiosis.

© 2000 Kluwer Academic Publishers. Printed in the Netherlands.  
This paper is part of the book *Genome Evolution in Polyploid Wheat*. The book contains 12 chapters and 120 papers presented at the 11<sup>th</sup> European Wheat Association Congress held in Rehovot, Israel, 12–16 July 1999. The book is divided into three main parts: 1) Theoretical and methodological aspects; 2) Chromosome evolution and genome rearrangements; 3) Genes and genomes.

## ЛОКУС *Ph1* МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ: ХАРАКТЕРИСТИКА И ЛОКАЛИЗАЦИЯ С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНОГО И ЦИТОЛОГИЧЕСКОГО АНАЛИЗА

Ридер С.М.<sup>1</sup>, Гриффитс С.<sup>1</sup>, Фут Т.Н.<sup>1</sup>, Далгейш К.<sup>1</sup>, Пауэл В.<sup>2</sup>, Мур Г.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, UK

<sup>2</sup> Dupont Ag Biotech, Newark, U.S.A.

Отсутствие локуса *Ph1* на хромосоме 5B мягкой пшеницы, связанное с анеуплоидией или делецией, позволяет гомеологичным хромосомам коньюгиовать в мейозе. Этот феномен уже давно рассматривается в качестве пути для интрогрессии в твердую и мягкую пшеницу хозяйственными ценных генов от их близких родичей.

Пшеница, как и все биологические системы, несовершенна: в соответствии с произведенной оценкой, хромосомные аберрации, возникающие в процессе гаметогенеза, снижают потенциальную fertильность на 10%. Лучшее понимание природы и функции локуса *Ph1* поможет не только более успешно проводить интрогрессию чужеродного генетического материала, но также даст возможность увеличить урожай пшеницы в соответствии с требованиями растущего населения земли.

Чтобы точно определить природу генов этого традиционно загадочного локуса, две новые популяции мягкой пшеницы были получены методом облучения сухих семян быстрыми нейтронами. Первая популяция была впоследствии селектирована на снижение fertильности, в то время как вторая популяция представляла пример более прямого подхода, включавшего облучение 650 сегментных гемизигот F<sub>1</sub>, которые были получены с использованием существующей по этому локусу делеции 70 mb. В обоих популяциях новые делеции, захватывающие *Ph1* локус, выявлены и охарактеризованы с помощью сложного анализа на основе PCR. Всего было идентифицировано восемь делеций и их эффекты подтверждены проводившимся параллельно в качестве слепого контроля цитологическим анализом давленных препаратов окрашенных по Фельгену. Волею случая, перекрывание делеций оказалось достаточным, чтобы локализовать *Ph1* локус в узких пределах.

Рис и пшеница, как и остальные основные зерновые продовольственные культуры мира, произошли от одного предкового генома, и существующая между этими видами синтения позволила провести скрининг ВАС библиотеки риса и отобрать клонны, которые могли бы быть связаны с *Ph1* локусом. Район 215 kb 9-й хромосомы риса был секвенирован с помощью Dupont plc.; последующее изучение базы данных и дальнейшая характеристика делеций позволила ещё более сузить границы исследуемого района.

Первые полученные результаты показывают, что в оставшемся сегменте несколько генов вовлечены в процессы развития, и это приводит к гипотезе, что, возможно, *Ph1* локус не контролирует гомологическое спаривание *per se*, а вовлечен в регулирование времени наступления ключевых событий предшествующих мейозу, процесса мейоза и последующих стадий развития.

Изучение микроспор пшеницы с помощью стереомикроскопии показало, что хромосомное спаривание на уровне центромер во время пре-мейоза и на уровне теломер в мейозе инициируется раньше при наличии *Ph1* локуса, чем при его отсутствии. Мягкая пшеница имеет наибольший размер генома среди всех зерновых культур (17000 kb), и такая адаптация способствует эффективной ассоциации гомологичных хромосом.

**THE *Ph1* LOCUS OF WHEAT: CHARACTERISATION AND LOCALISATION VIA MOLECULAR AND CYTOLOGICAL ANALYSES**

Reader, S.M.<sup>1</sup>, Griffiths, S.<sup>1</sup>, Foote, T.N.<sup>1</sup>, Dalglish, C.<sup>1</sup>, Powell, W.<sup>2</sup>, Moore, G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, UK

<sup>2</sup> Dupont Ag Biotech, Newark, U.S.A.

The absence of the *Ph1* locus on chromosome 5B of wheat through aneuploidy or deletion allows homoeologous chromosomes to pair during meiosis. This phenomenon has long been regarded as a route for the introgression of agronomically useful genes from near relatives into durum and bread wheat.

Wheat, like all biological systems, is imperfect and chromosomal aberrations generated during gametogenesis have been estimated to be responsible for a depression in the potential fertility of as much as 10%. In addition to improving the success of alien introgression protocols, a better knowledge of the nature and function of the *Ph1* locus might also provide an opportunity to enhance wheat yields and help to meet the demands of a growing human population.

To determine the exact nature of the genes occupying this traditionally enigmatic locus, two novel populations of bread wheat were created by exposure of dry seed to fast neutron irradiation. The first of these was subsequently selected on the basis of reduced fertility, whilst the second was a more direct approach which involved the irradiation of 650 segmental hemizygote F<sub>1</sub>'s created using an existing 70mb deletion of this locus. Novel deletions involving the *Ph1* locus were identified and characterised from both using a multiplex PCR based assay. A total of eight deletions were identified and their effects confirmed via a parallel blind cytological evaluation of meiotic pairing in Feulgen squash preparations. Fortunately, there was sufficient overlapping of deletions to define the *Ph1* locus to a smaller region.

Rice and wheat, like the other major food cereals of the world, are derived from the same ancestral genome, and the synteny which exists between them allowed a rice BAC library to be screened for suitable candidate clones encompassing the *Ph1* locus. A 215 kb region of rice chromosome 9 was duly sequenced by Dupont plc. and subsequent searching of databases and further characterisation of the deletions has enabled this to be reduced further.

Early indications reveal that several genes within the remaining segment are involved in development, leading to the hypothesis that perhaps the *Ph1* locus does not control homologous pairing *per se*, but instead is involved in the timing of key events during pre-meiosis, meiosis and subsequent developmental stages.

Studies of wheat microspores employing 3-D confocal microscopy reveals that the pairing of chromosomes via their centromeres during pre-meiosis and their telomeres during meiosis is initiated earlier in the presence of the *Ph1* locus than in its absence. Wheat has the largest genome of all cereal crops (17,000 mb) and such an adaption would permit the efficient association of homologous chromosomes.

## ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНОМОВ ПОЛИПЛОИДНЫХ ПШЕНИЦ

Бадаева Е.Д.<sup>1</sup>, Вишнякова Х.С.<sup>2</sup>, Зеленин А.В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта, РАН, Москва

<sup>2</sup> Центр «Биоинженерия», РАН, Москва

С помощью С-метода дифференциального окрашивания хромосом исследован процесс эволюции геномов полиплоидных пшениц. Показано, что виды, представляющие две филогенетические линии рода *Triticum* (Emmer и Timopheevi) значительно отличаются по структуре кариотипа, рисункам С-бэндинга и механизмам преобразования геномов в процессе внутривидовой дивергенции.

Семь видов тетраплоидных пшениц группы Emmer (*Triticum dicoccoides*, *T.dicoccum*, *T.persicum*, *T.paleocolchicum*, *T.turanicum*, *T.polonicum*, *T.durum*) сходны по распределению С-бэндов на хромосомах, но отличаются по уровню полиморфизма. Значительное разнообразие вариантов С-окрашивания хромосом было обнаружено у *T.dicoccoides* и *T.durum*, тогда как кариотипы других видов характеризовались высокой стабильностью. У *T.dicoccoides* и *T.dicoccum* выявлен широкий транслокационный полиморфизм. Среди хромосомных перестроек преобладали транслокации с интерстициальными и реже центромерными точками разрывов.

Сравнение рисунков дифференциального окрашивания пшениц различного уровня пloidности позволило предположить, что образование гексаплоидных видов привело к изменению системы полиморфизма ГХ районов хромосом. Значительный полиморфизм, а также наличие вариантов, характерных как для 4х, так и 6х видов свидетельствует о том, что *T.spelta* является наиболее древней гексаплоидной пшеницей, от которой впоследствии дивергировали другие виды. У всех видов гексаплоидных пшениц обнаружены хромосомные перестройки, в основном центрические транслокации. Хромосомные перестройки встречались с высокой частотой у *T.comactum* с Памира и сравнительно редко у культурной пшеницы *T.aestivum*.

Внутривидовая дивергенция тетраплоидных пшениц группы Timopheevi связана с изменением системы полиморфизма и хромосомными аберрациями. Хромосомные перестройки относились в основном к типу центрических транслокаций. В отличие от пшениц Emmer в этой группе, хромосомные перестройки были широко распространены: выше 66% образцов дикорастущей *T.araraticum* имели перестроенные кариотипы. В целом, у нее идентифицировано 34 хромосомных типа, отличающихся от нормального по 1–4 транслокациям. Частота аберрантных кариотипов варьировалась от 0% (Азербайджан) до 100% (Иран). Показано, что каждая географическая популяция характеризуется определенным спектром хромосомных перестроек. Анализ вариабельности рисунков С-окрашивания позволяет предположить, что центром происхождения и первичным центром разнообразия *T.araraticum* является Северный Ирак. Хромосомы A<sup>1</sup> и G геномов у *Triticum timopheevii* и видов, синтезированных на его основе, характеризуются увеличением содержания гетерохроматина и значительным снижением уровня полиморфизма по сравнению с дикорастущим предком.

**GENOME EVOLUTION IN POLYPLOID WHEAT**

Badaeva, E.D.<sup>1</sup>, Vishnyakova, Kh.S.<sup>2</sup>, Zelenin, A.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Engelhardt Institute of Molecular Biology, RAS, Moscow, Russia

<sup>2</sup> Bioengineering Center, RAS, Moscow, Russia

The processes of genome evolution in polyploid wheat were studied using C-banding technique. The species representing two phylogenetic lineages of *Triticum* (Emmer and Timopheevi) differ significantly with respect to karyotype structure, C-banding patterns, and the mechanisms of genome alterations during intraspecific divergence.

Distribution of C-bands in karyotypes of seven tetraploid species of the Emmer group (*Triticum dicoccoides*, *T.dicoccum*, *T.persicum*, *T.paleocolchicum*, *T.turanicum*, *T.polonicum* and *T.durum*) was similar, however, the polymorphism level was different. The C-banding patterns of chromosomes of *T.dicoccoides* and *T.durum* were highly variable, whereas they were relatively stable in other species. Wide translocation polymorphism was discovered in two species, *T.dicoccoides* and *T.dicoccum*. Translocations with interstitial breakpoint occur more frequently than centromeric translocation.

Comparison of tetraploid and hexaploid species of Emmer wheat allowed us to reveal some peculiarities of karyotype structure at both ploidy levels. We assume that the occurrence of hexaploid wheat led to alteration in the system of polymorphism of heterochromatic regions. Broad polymorphism and the existence of variants characteristic for both tetraploid and hexaploid species indicates that *Triticum spelta* is an oldest hexaploid wheat. Other species derived from *T.spelta* as a result of different genetic mechanisms. Chromosomal rearrangements, mainly centromeric translocations, were discovered in all hexaploid species; their frequencies being the highest in *T.compactum* from the Pamirs and the lowest in cultivated *T.aestivum*.

Intraspecific divergence of tetraploid wheats of the Timopheevi group was also accompanied by alterations of heterochromatin system and chromosomal aberrations. The chromosomal aberrations were mainly translocations with centromeric or near-centromeric breakpoints. In contrast to Emmer wheat, chromosomal rearrangements were rather common in this group: over 66% of accessions of wild wheat *T.araraticum* have modified karyotype. In total, 34 chromosomal types different from normal by 1–4 translocations were identified. The frequencies of aberrant karyotypes varied from 0 (Azerbaijan) to 100% (Iran). Each geographic population was characterized by a certain spectrum of translocations. Analysis of variation of the C-banding patterns allowed us to conclude that Northern Iraq is the center of origin and the primary center of diversity of *T.araraticum*. The chromosomes of the A<sup>1</sup> and G genome in *T.timopheevii* and other artificially synthesized species of this lineage showed an increased heterochromatin content and the decreased polymorphism level compared to wild progenitor.

## ВНУТРИХРОМОСОМНОЕ КАРТИРОВАНИЕ ГЕНОВ МОРОЗОУСТОЙЧИВОСТИ ПШЕНИЦЫ

Шутка Й.<sup>1</sup>, Галиба Г.<sup>1</sup>, Снэйт Дж.В.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, Hungary

<sup>2</sup> John Innes Centre, Colney, Norwich, UK

Отрицательные температуры являются одним из факторов абиотического стресса, который приводит к существенному снижению урожая пшеницы во многих странах. Сорта пшеницы различаются по их реакции на низкие температуры. Генетику морозоустойчивости у пшеницы сложно изучать, поскольку это количественный признак и, следовательно, необходимы воспроизводимые экспериментальные условия и качественный генетический материал. Акклиматизация к холodu и яровизация – два важных механизма, приобретенные озимыми формами пшеницы в процессе эволюции и защищающие их от стресса, связанного с эффектом низких температур. Оба механизма регулируются с помощью сложного взаимодействия генотипа и среды, включающего многочисленные изменения в физиологии и биохимии растения.

Детальный диаллельный анализ выявил, что морозоустойчивость контролируется полигенами, большей частью, аддитивного действия. Тем не менее, исследования с использованием моносомных, дителосомных и замещенных линий позволили выявить критические хромосомы, которые несут гены, ответственные за морозоустойчивость. В особенности выделяются хромосомы 5A и 5D, по-видимому, несущие главные гены. С использованием молекулярных маркеров (RFLP, AFLP) и рекомбинационных замещенных линий было показано, что локусы *Vrn-A1* (отзывчивость на яровизацию) и *Fr1* (морозостойкость) расположены в дистальном участке длинного плеча хромосомы 5A, тесно сцеплены, но все-таки рекомбинация между ними обнаружена ( $cM=2$ ). RFLP маркеры *Xpsr426* и *Xwg644* тесно сцеплены с локусом *Vrn1*. Локусы *Vrn-D1* и *Fr2* расположены в длинном плече хромосомы 5D. *Fr2* и *Vrn-D1* гомеологичны генам *Fr1* и *Vrn-A1*.

Недавно линии пшеницы, гомозиготные по делециям в хромосоме 5AL, были протестированы на время цветения без предварительной яровизации и на морозоустойчивость после предварительного закаливания на холода. Ген отзывчивости на яровизацию *Vrn-A1* был картирован между точками разрыва 0,68 и 0,78, а ген морозостойкости *Fr1* был фланкирован точками разрыва 0,67 и 0,68. Это подтверждает данные, полученные ранее, о том, что эти гены сцеплены, но не являются одним геном с плейтропным эффектом. Сравнение физической и генетической карт показывает, что линейный порядок *Vrn-A1* и *Fr1* на них идентичен. Эти результаты показывают, что физическое картирование *Vrn-A1* и *Fr1* с помощью цитогенетических методов вместе с генетическими картами может быть полезным в будущих исследованиях геномной синтезии и в выработке стратегии генетического клонирования.

## INTRACHROMOSOMAL MAPPING OF FROST RESISTANCE GENES IN WHEAT

Sutka, J.<sup>1</sup>, Galiba, G.<sup>1</sup>, Snape, J.W.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences, Martonvásár, Hungary

<sup>2</sup> John Innes Centre, Colney, Norwich, UK

Frost is one of the environmental abiotic stress factors reducing wheat yield significantly in many countries. Wheat varieties differ in their responses to low temperatures. Genetic studies on frost resistance in wheat are difficult because the effects are quantitative in nature and thus require precise genetic material and reproducible experimental conditions. Cold acclimation and vernalization are two important mechanisms that winter wheat varieties have evolved to cope with low-temperature stress. Both are regulated through complex genotypic and environmental interactions inducing a large number of physical and biochemical changes in the plant.

The detailed diallel analyses indicated that the inheritance of frost resistance is polygenic and mostly additive. Nevertheless, studies using monosomic, ditelosomic and substitution lines have identified specific chromosomes that carry genes responsible for frost resistance. In particular, the chromosomes 5A and 5D appear to carry major genes. Using molecular markers (RFLP, AFLP) and recombinant substitution lines it was shown that the *Vrn-A1* (vernalization) and *Fr1* (frost resistance) loci were located closely linked on the distal portion of the long arm of 5A, but recombination between them was found (cM=2). The RFLP markers *Xpsr426* and *Xwg644* were tightly linked to the *Vrn-A1* locus. Loci *Vrn-D1* and *Fr2* are located on the long arm of 5D. *Fr2* and *Vrn-D1* are homoeologous to *Fr1* and *Vrn-A1*.

Recently, homozygous deletion lines of wheat for 5AL were tested for flowering time without vernalization and for frost resistance after cold hardening. It was found that the *Vrn-A1* gene for vernalization requirement mapped between breakpoints 0,68 and 0,78, whilst the frost resistance gene *Fr1* was flanked by deletion breakpoints 0,67 and 0,68. This confirms previous evidence that these genes are linked but are not the pleiotropic effect of a single gene. A comparison between the physical and genetic maps for *Vrn-A1* and *Fr1* shows that the linear order is identical. These results indicate that cytogenetically based physical maps of *Vrn-A1* and *Fr1* loci, together with genetic maps, could be useful in the further study of genome synteny and in elaborating a gene cloning strategy.

## ПОЛУЧЕНИЕ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПОЧТИ ИЗОГЕННЫХ ЛИНИЙ ПО СОРТУ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ LD222

Ватанабе, Н.

Faculty of Agriculture, Gifu University, Japan

Точное определение специфических эффектов генов на свойства твердой пшеницы достаточно затруднительно и возможно только с использованием почти изогенных линий. Автором были получены почти изогенные линии по сорту твердой яровой пшеницы LD222 с некоторыми главными генами из тетрапloidных и гексапloidных сортов пшеницы. Они могут быть использованы в экспериментальных целях. Приводятся последние данные по генетике тетрапloidной пшеницы.

### Почти изогенные линии с гомологичными генами

В результате изучения почти изогенных линий по признаку «длинная чешуя» была уточнена таксономия тетрапloidной пшеницы *Triticum ispanicum* Heslot. Из-за наличия длинной чешуи некоторые исследователи считали этот вид разновидностью *T. polonicum*. Ген, контролирующий признак «длинная чешуя», привнесенный из *T. ispanicum*, локализован не на хромосоме 7A, а на хромосоме 7B. Очевидно, что *T. ispanicum* не должен быть отнесен к категории *T. polonicum*, у которого длинная чешуя контролируется геном, расположенным на хромосоме 7A. Были также получены почти изогенные линии по мутации *chlorina*, контролируемой геном, локализованным на длинных плечах хромосом седьмой гомеологической группы. Рамки проекта были расширены, и в настоящее время они предусматривают получение почти изогенных линий по признакам «сферическое зерно», «ломкоколосость» и «краснозерность», контролируемым генами на хромосомах третьей гомеологической группы.

### Хромосомная локализация генов с использованием почти изогенных линий

Хромосомная локализация привнесенных главных генов была определена с использованием линий с замещением хромосом генома Langdon-D.

### Анеуплоидные линии с маркерами

Для детального генетического анализа были получены анеуплоидные линии яровой твердой пшеницы LD222. Двойные дителосомные линии по сорту LD222 (dDT; 26+2t<sub>L</sub>+2t<sub>S</sub>) были скрещены с почти изогенными линиями dDT, плечи которых несли видимые маркеры.

### Почти изогенные линии с двойными маркерами

Признаки «черный колос» и «опущенный колос» генетически сцеплены на хромосомах 1A. Признаки «*chlorina*» и «длинная чешуя» генетически сцеплены на хромосомах 7A. Почти изогенные линии, несущие двойные маркеры, «черная чешуя – опущенная чешуя» и «*chlorina* – длинная чешуя», были получены путем гибридизации почти изогенных линий.

**DEVELOPMENT AND USE OF NEAR-ISOGENIC LINES OF DURUM WHEAT CULTIVAR "LD222"**

Watanabe, N.

Faculty of Agriculture, Gifu University, Japan

It is difficult to precisely determine the specific effects of genes on characteristics of durum wheat. They can only be determined accurately using near-isogenic lines. The author developed the near-isogenic lines of a spring durum wheat cultivar, "LD222" with several major genes from the accessions of tetraploid and hexaploid wheats. They will be utilized for experimental purposes. I describe recent contribution to the genetics of tetraploid wheat.

***Near-isogenic lines for homoeologous genes***

The near-isogenic lines for long glume contributed to the taxonomy of tetraploid wheat *Triticum ispananicum* Heslot. Several researchers considered it as a variant of *T. polonicum* because of the presence of long glume. The gene for long glume from *T. ispananicum* did not locate on chromosome 7A, but on chromosome 7B. It is evident that *T. ispananicum* should not be included into the category of *T. polonicum* whose long glume is determined by the gene on chromosome 7A. The near-isogenic lines for *chlorina* mutation, which is controlled by the genes on the long arm of chromosomes of 7<sup>th</sup> homoeologous group, were also developed. Nowadays, the project was extended to develop near-isogenic lines for traits of spherical grain, brittle rachis and red grain, which are controlled by the genes on the 3<sup>rd</sup> homoeologous chromosomes.

***Chromosomal location of genes using near-isogenic lines***

Chromosomal location of the major genes, which were incorporated, has been determined using Langdon-D genome chromosome substitution lines.

***Aneuploid lines with markers***

The aneuploid lines of a spring durum wheat cultivar, "LD222" have been developed for proper genetic analysis of tetraploid wheat. Double ditelosomic lines of "LD222" (dD, 26+2t<sub>L</sub>+2t<sub>S</sub>) were crossed with near-isogenic lines to develop dDT lines, whose arms were marked with visible markers.

***Near-isogenic lines with double markers***

Black glume and hairy glume are genetically linked on chromosomes 1A. *Chlorina* trait and long glume are genetically linked on chromosomes 7A. Near-isogenic lines with double markers, black glume – hairy glume, and *Chlorina* – long glume, were developed through hybridization among near-isogenic lines.

## ПЛЕЙОТРОПНЫЙ ЭФФЕКТ ГЕНА *Ppd1* НА ПРОДУКТИВНОСТЬ И ЕЕ КОМПОНЕНТЫ У РЕКОМБИНАНТНЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ В ПОЛЬШЕ

Миазга Д.<sup>1</sup>, Ворланд Э.Дж.<sup>2</sup>, Ковальчик К.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Genetics and Plant Breeding, Agricultural Academy, Lublin, Poland

<sup>2</sup> John Innes Centre, Norwich, England

Плейотропный эффект генов *Ppd1* изучался на гомозиготных рекомбинантных линиях пшеницы: «Авалон» («Мара» 2D), «Авалон» («Чиано» 2D), «Бриганд» («Мара» 2D), «Бrimстоун» («Мара» 2D), «Бrimстоун» («Чиано» 2D), «Мерсия» («Мара» 2D), «Норман» («Мара» 2D), «Рандевоуз» («Мара» 2D), и родительских сортах «Авалон», «Бриганд», «Бrimстоун», «Мерсия», «Норман» и «Рандевоуз».

Эксперимент проводился на протяжении двух сезонов (1997/98, 1998/99) около Люблина (восточная Польша). Ежегодно около 550-ти пророщенных семян на м<sup>2</sup> высевалось машинным способом в четырех повторностях размером в 5 м<sup>2</sup>. Для каждой площадки время колошения определялось как число дней, от 1 мая до полного цветения. Высота измерялась у четырех случайно выбранных на каждой площадке растениях. Для оценки основных показателей продуктивности на каждой площадке случайным образом выбирали по 10 главных побегов и на них подсчитывали число колосков на колос, число зерен на колос, урожайность одного колоса, вес 1000 зерен и колосковую фертильность. Полученные результаты были статистически обработаны для каждого года в отдельности. Применялась программа ANOVA, использующая F-Snedecor тест. Чтобы определить достоверность различий между рекомбинантными линиями, использовались интервалы достоверности Tukey.

На протяжении двух сезонов рекомбинантные линии с аллелем *Ppd1* быстрее выкашивались и цвели. Различия между анализируемыми рекомбинантными линиями и контролем (сортами с аллелем *ppd1*) были достоверны. В первый год число зерен в колосе у рекомбинантных линий превосходило таковое у контроля, исключение составляли линии «Норман» («Мара» 2D) и «Рандевоуз» («Мара» 2D). Кроме того, линии «Бриганд» («Мара» 2D), «Бrimстоун» («Мара» 2D) и «Бrimстоун» («Чиано» 2D) имели более высокую колосковую фертильность, чем контрольные сорта. Площадки с анализируемыми рекомбинантными линиями дали более высокий урожай, чем площадки с их контрольными сортами.

## PLEIOTROPIC EFFECTS OF *Ppd1* GENE ON YIELD AND ITS COMPONENTS IN RECOMBINANT LINES OF WHEAT IN POLAND

Miazga, D.<sup>1</sup>, Worland, A.J.<sup>2</sup>, Kowalczyk, K.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Genetics and Plant Breeding, Agricultural Academy, Lublin, Poland

<sup>2</sup> John Innes Centre, Norwich, England

Pleiotropic effects of the *Ppd1* genes for day length insensitivity were investigated using homozygous recombinant lines: Avalon (Mara 2D), Avalon (Ciano 2D), Brigand (Mara 2D), Brimstone (Mara 2D), Brimstone (Ciano 2D), Mercia (Mara 2D), Norman (Mara 2D), Rendezvous (Mara 2D) and parental cultivars Avalon, Brigand, Brimstone, Mercia, Norman and Rendezvous.

Experiments were carried out over two seasons (1997/98, 1998/99) near Lublin, (Eastern Poland). Every year about 550 germinated kernels per m<sup>2</sup> were machine-sown in 5 m<sup>2</sup> plots in four replicates. For each plot heading time was recorded as the number of days from May until full flowering. Height was measured on 4 random plants from each plot. Main shoot data were obtained from a random sample of ten leading tillers in each plot and used for the calculation of number of spikelets/spike, number of grains per ear, yield of single ear, 1000 grain weight and spikelet fertility. The results obtained were statistically analyzed individually for each year. The ANOVA program was used, applying the F-Snedecor test. In order to find the significance of the differences between recombinant lines, Tukey's intervals of confidence were used.

During two seasons recombinant lines with *Ppd1* gene had accelerated ear emergence and earlier flowering. The differences were significant between analyzed recombinant lines and their control (cultivars with *ppd1* gene). In first year the recombinant lines set more kernels per ear in comparison to their controls except lines Norman (Mara 2D) and Rendezvous (Mara 2D). Moreover the lines Brigand (Mara 2D), Brimstone (Ciano 2D) and Brimstone (Mara 2D) had higher fertility of spikelet than controls. Plots yield of analyzed recombinant lines were higher than theirs controls.

Black glume and hairy glume are genetically linked in chromosome 7A. Chaffy glume and hairy glume are genetically linked in chromosome 7B. Non-striking lines, double marker black glume - hairy glume, and Chaffy - long glume, were developed through hybridization among these two linkage groups.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ ДЛЯ ОЦЕНКИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РОДСТВА ХРОМОСОМ ДВУХ ЭВОЛЮЦИОННЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ

Пухальский В.А.<sup>1</sup>, Бадаева Е.Д.<sup>1,2</sup>, Прокофьева З.Д.<sup>1</sup>, Оболенкова Л.А.<sup>1</sup>,  
Билинская Е.Н.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова, РАН, Москва, Россия;

<sup>2</sup> Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта, РАН, Москва, Россия

Известно, что виды, представляющие две эволюционные линии пшеницы (Emmer и *Timopheevi*), возникли от скрещивания одних и тех же родительских форм (*Aegilops speltoides* × *Triticum urartu*), однако, от разных гибридизационных событий в разные исторические периоды. Показано, что при становлении первичных аллополиплоидов происходили хромосомные перестройки, специфичные для каждого из возникших видов. Это явилось генетическим барьером для спонтанной межвидовой гибридизации. Одним из наиболее надежных критериев оценки уровня дивергенции хромосом является их способность к замещениям гомеологичных хромосом в межвидовых гибридах.

Для оценки уровня генетической дивергенции гомеологичных хромосом *T.aestivum* и *T.timopheevii* были исследованы кариотипы 47 интрагрессивных линий, полученных от скрещивания разных линий мягкой пшеницы с *T.timopheevii*, *T.militinae* ( $2n=4x=28$ , A'A'GG) и *T.kiharae* ( $2n=6x=42$ , A'A'GGDD). Обнаружено, что индивидуальные хромосомы A<sup>t</sup> и G геномов значительно различаются по частотам замещений. Замещения с участием 2A<sup>t</sup>, 2G и 6G хромосом встречались наиболее часто, тогда как замещения с 1G, 3A<sup>t</sup>, 4A<sup>t</sup>, 4G, 6A<sup>t</sup> и 7G наблюдались крайне редко. Результаты исследования мейоза межвидовых гибридов *T.durum* × *T.timopheevii* (Hutchinson et al., 1982; Chen and Gill, 1984; Naranjo et al., 1987; Jiang and Gill, 1994; Maestra and Naranjo, 1999) показали, что 4A, 5A и 7B хромосомы вовлечены в видоспецифическую транслокацию у *T.durum* и *T.aestivum*, а видоспецифическая транслокация у *T.timopheevii* включает 3A<sup>t</sup>, 4A<sup>t</sup>, 6A<sup>t</sup>, 1G и 4G хромосомы. Наши данные также подтверждают значительную дивергенцию хромосом, перестроенных при образовании видов пшеницы, отражающуюся в резком снижении их компенсационной способности и, следовательно, частот замещений в межвидовых гибридах. Одновременно можно предположить, что гомеологи 2-й группы и 6B-6G хромосомы генетически очень близки.

## INVESTIGATION OF SUBSTITUTION LINES AS A TOOL FOR EVALUATION OF GENETIC RELATIONSHIPS OF INDIVIDUAL CHROMOSOMES IN TWO EVOLUTIONARY LINEAGES OF WHEAT

Pukhalskiy, V.A.<sup>1</sup>, Badaeva, E.D.<sup>1, 2</sup>, Prokofieva, Z.D.<sup>1</sup>, Obolenkova, L.A.<sup>1</sup>, Bilinskaya, E.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Vavilov Institute of General Genetics, RAS, Moscow, Russia;

<sup>2</sup> Engelhardt Institute of Molecular Biology, RAS, Moscow, Russia

It is known that two evolutionary lineages of wheat (Emmer and Timopheevi) have derived from the same parental species (*Aegilops speltoides* × *Triticum urartu*), however, from different hybridization events and in different periods. Chromosomal rearrangements that have occurred following genome formation of primary allotetraploids were specific for each of the new species and served as a genetic barrier preventing spontaneous interspecific hybridization. The ability of the chromosome to substitute homoeologous chromosome in the karyotype of interspecific hybrid is one of the most reliable criteria for evaluation of the level of chromosome diversity.

We estimated the extent of genetic diversity of homoeologous chromosomes of *T.aestivum* and *T.timopheevii* in 47 introgressive lines obtained by crossing different lines of common wheat with *T.timopheevii*, *T.militinae* ( $2n=4x=28$ , A'A'GG), and *T.kiharae* ( $2n=6x=42$ , A'A'GGDD). Individual chromosomes of the A' and G genomes were found to differ significantly in the frequencies of substitutions. The substitutions involving 2A', 2G, and 7G chromosomes were the most frequent, whereas substitutions with 1G, 3A', 4A', 4G, 6A' and 7G chromosomes occurred extremely rare. According to the results of meiotic analysis of *T.durum* × *T.timopheevii* hybrids, 4A, 5A and 7B chromosomes were involved in species-specific translocation of *T.durum* and *T.aestivum*, and 3A', 4A', 6A', 1G, and 4G chromosomes, in species-specific translocation of *T.timopheevii* (Hutchinson et al., 1982; Chou and Gill, 1984; Naranjo et al., 1987; Jiang and Gill, 1994; Maestra and Naranjo, 1999). Our data also support significant divergence of chromosomes that were involved in species-specific translocations in both wheat species, which is reflected in the decrease of the compensating ability and, subsequently, the frequencies of substitutions in interspecific hybrids. At the same time we may suggest that both homoeologous of the 2<sup>nd</sup> group chromosomes and 6B–6G chromosomes are phylogenetically very close.

## МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ ГЕНОМА БЕККРОССНЫХ ПОТОМКОВ ЯЧМЕННО-ПШЕНИЧНЫХ ГИБРИДОВ

Бильданова Л.Л., Трубачеева Н.В., Салина Е.А., Першина Л.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Молекулярные изменения генома беккроссных потомков ячменно-пшеничных гибридов были проанализированы методами RAPD и RAMPO. Для изучения четырех линий беккроссов использован набор из 115 декануклеотидных праймеров. Со 113 праймерами для всех изученных образцов получены воспроизводимые результаты. RAPD спектры состояли из 2–20 амплифицированных фрагментов длиной 200–2500 п.н. Было показано, что RAPD спектры двух родительских видов ячменя *Hordeum vulgare* L. ( $2n=14$ ) и *H. geniculatum* ( $2n=28$ ) All. значительно отличаются друг от друга и от спектров четырех сортов пшеницы *Triticum aestivum* L. ( $2n=42$ ), использованных для беккроссирования. Полиморфизм по длине фрагментов амплификации среди сортов пшеницы наблюдался при ПЦР с 6 праймерами из 113, при этом в RAPD спектре одного из сортов пшеницы появляется или пропадает один–два фрагмента.

Можно выделить три типа изменений спектров амплифицированных фрагментов гибридных линий по сравнению со спектрами родительских сортов пшеницы: 1) исчезновение фрагментов, соответствующих фрагментам из RAPD спектра пшеницы; 2) появление фрагмента, которого нет в спектрах родительских видов; 3) появление фрагмента из спектра ячменя. Происхождение появляющегося фрагмента подтверждалось гибридизацией с соответствующим RAPD спектром. В геномах двух линий из изученных четырех не было выявлено ни одного фрагмента ячменя. В спектрах двух других линий выявлено 5 и 9 фрагментов амплификации, имеющих ячменное происхождение. Один из фрагментов, охарактеризованный как вновь появившийся, был клонирован, и его первичная структура изучена. Не было найдено последовательностей гомологичных данной в базах данных известных последовательностей.

Для получения большей информации из RAPD экспериментов была проведена гибридизация спектров амплификации с микросателлитными мотивами  $(GA)_n$  и  $(CA)_n$ . Уровень полиморфизма между использованными при беккроссировании сортами оказался в два раза выше, чем при RAPD анализе.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ (99-04-40332, 98-04-49803).

## MOLECULAR CHANGES IN THE GENOME OF BACKCROSSED PROGENY OF BARLEY-WHEAT HYBRIDS

Bildanova, L.L., Troubacheyeva, N.V., Salina, E.A., Pershina, L.A.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

RAPD and RAMPO analyses were applied to determine molecular changes of backcrossed progeny of barley-wheat hybrids. Four lines of a different origin were analysed by using a set of 115 decanucleotid primers. 113 primers gave reliable results with samples of investigation. RAPD patterns obtained consisted of 2–20 amplified fragments of 200–2500 b.p. length.

It was revealed that spectra of two species of barley *Hordeum vulgare* L. ( $2n=14$ ) and *H. geniculatum* All. ( $2n=28$ ) differed considerably from each other and from spectra of four parent varieties of wheat *Triticum aestivum* L. ( $2n=42$ ) used for backcrossing. Polymorphism of the wheat amplified fragments length was observed in PCR with primers from 113. This was when one or two fragments added or disappeared in the RAPD spectrum.

Three types of changes occurred were detected in the genome of hybrids. There were 1) disappearance of some fragments from wheat RAPD pattern; 2) appearance of absolutely new fragment absent in parent plants; 3) appearance of barley's fragments. The origin of the fragment of interest was confirmed by the hybridization of this fragment to the corresponding RAPD profile. No fragments from barley were revealed in the spectra of two lines. In other two lines there were revealed 5 and 9 fragments that had been defined as barley's. One of new fragments detected was cloned and its structure had no any homology with known sequences in databases.

For getting more information from the RAPD experiments RAPD spectra were hybridized with microsatellite motives  $(GA)_n$  and  $(CA)_n$ . The extent of polymorphism among wheat varieties was found to be two times as higher than that in RAPD experiments.

The present work was supported by the Russian Foundation for Fundamental Research (99-04-40332, 98-04-49803).

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО КОЛИЧЕСТВЕННЫМ ПРИЗНАКАМ

Терновская Т.К.

Институт агроэкологии и биотехнологии УААН, Киев, Украина

Генетический анализ организма по количественным признакам затруднен в сравнении с анализом по признакам с четкими градациями, поскольку при расщеплении по большому числу генов, фенотипическое проявление которых меняется в зависимости от условий внешней среды, картина расщепления искажается. Генетический анализ мягкой пшеницы по таким признакам осложняется дополнительно из-за аллогексаплоидной природы ее генома. В дополнение к уже существующим типам эуплоидного генетического материала, пригодного для генетического анализа пшеницы, мы предлагаем принципиально новый тип: геномно-добавленные формы мягкой пшеницы, включающие в свои геномы одинаковую тетраплоидную часть *AB* (это геном линии твердой пшеницы линии *Muticitalicum*) и разные субгеномы *D*: от сорта яровой мягкой пшеницы Кальянсона у формы  $D^{KC}$ , сортов озимой мягкой пшеницы Кавказ ( $D^{KB}$ ) и Альбидум 114 ( $D^{AL}$ ), образцов дикорастущего носителя генома *D Aegilops tauschii* var. *strangulata* ( $D^{128}$ ), и var. *eusquarrosa* ( $D^{1346}$ ). Гибридологический анализ этих форм, выполненный в рамках объединенного теста Кавалли, позволил получить информацию о генетическом контроле ряда признаков стебля и колоса пшеницы со стороны ее субгенома *D*. Для описания системы генов, принимающих участие в контроле признаков вегетативной части растения, часто оказывается подходящей аддитивно-доминантная модель. В контроле признаков-элементов продуктивности колоса к генам с аддитивно-доминантным типом действия присоединяются гены с эпистатическим типом межгенового взаимодействия. В подавляющем большинстве случаев в контроле всех признаков значимыми были положительные аддитивные эффекты [*d*]. Доминантное действие аллелей оказывается значимым тоже часто. Интересная информация получена при сравнении направления действия эффектов [*h*]: в контроле вегетативных признаков участвуют доминантные аллели, действующие в направлении как увеличения, так и уменьшения фенотипического выражения признака; при анализе признаков-элементов продуктивности колоса чаще выявляются аллели, действующие в направлении уменьшения развития признака. Конечная цель генетического анализа разных субгеномов *D* по ряду количественных признаков – указать гибридные комбинации, наиболее перспективные для вовлечения их в программу исследований, направленных на хромосомную локализацию главных генов, принимающих участие в их контроле. Для этого были сформулированы наиболее общие требования, которыми следует руководствоваться при выборе оптимальных комбинаций: компоненты скрещивания должны иметь контрастные фенотипы по исследуемому признаку; относительное фенотипическое выражение признака должно сохраняться из года в год; наличие двух взаимодействующих генов не препятствует генетическому анализу; благоприятной является ситуация в модели, адекватно описывающей контроль признака, когда значащие параметры имеют большие, относительно среднего значения «*m*», числовые выражения.

**GENETIC ANALYSIS OF COMMON WHEAT FOR THE QUANTITATIVE TRAITS***Ternovskaya, T.K.*Institute of Agroecology and Biotechnology, Ukrainian Academy of Agrarian Sciences,  
Kyiv, Ukraine

Genetic analysis of organism for the quantitative traits is hampered in comparison to analysis for the characters with the clearly defined gradations. When segregating the great number of genes, the phenotypic displaying of which depends on the environment, the segregating pattern have become very complicated and does not fit for correct interpretation. Genetic analysis of the common wheat is additionally hampered by the allohexaploid structure of its genome. In addition to the currently available types of euploid genetic stocks suitable for the genetic analysis of wheat, we propose the new kind of genetic material: the genome-addition forms of the common wheat sharing the same tetraploid part *AB* (it is a genome of the durum wheat line *Muticitalicum*) and different *D* subgenomes derived from the spring common wheat variety Kalyansona in the form  $D^K$  from the winter common wheat varieties Kaukaz ( $D^{KV}$ ) and Al'bidum 114 ( $D^{AL}$ ), from the accessions of the wild bearer of the *D* genome *Aegilops tauschii* var. *strangulata* ( $D^{28}$ ), and var. *eusquarrosa* ( $D^{346}$ ). Hybridological analysis of these forms carried out by Cavalli-Sforza joint scaling test permitted us to obtain information about the genetic control of a number of wheat stem and spike traits by the subgenome *D*. The additive-dominance model is often adequate for description of gene system taking part in control of the vegetative traits of plants. In genetic control of the traits which are the elements of the spike productivity, the genes of additive-dominance type of action are added by the genes of epistatic type of interaction. In the majority of cases, the positive additive effects [*d*] were significant in the control of all the traits. The dominance action of alleles was significant every so often. The information of interest was obtained by comparing the direction of [*h*]: both the directions "+" and "-" of [*h*] are present in control of the vegetative traits. Among the dominant alleles taking part in the genetic control of the traits which are elements of productivity, the alleles decreasing the phenotypic displaying of trait in question prevail. The final goal of the genetic analysis of different *D* subgenomes for a number of quantitative traits was to definite the crosses of the most fitness for their involvement in the investigation program aimed at the chromosome location of the major genes taking part in the control of the certain traits. Using results of current investigation, the most general requirements to choose the most suitable cross were established: the cross components are bound to be contrast phenotypes for the trait under investigation; the relative phenotypical displaying of the trait is bound to be kept constant from year to year; the genetic analysis is not inhibited by the involvement in the control of trait of two interacting genes; when the model of genetic control of the trait has the great (in relation to the mean *m*) values, such situation is favourable to determine a linkage between the marker gene and the major gene for the quantitative trait under investigation.

**Секция 5 / Session 5**

**ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ  
ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОНТРОЛЯ УСТОЙЧИВОСТИ  
К ВРЕДИТЕЛЯМ И БОЛЕЗНЯМ**

Эллербрук К., Ворланд Э.Дж.

Cereals Research Department, John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, UK

За последние 50 лет приложены значительные усилия для создания цитогенетических коллекций и техники генетического анализа мягкой пшеницы. Исследования показали, что гексаплоидная природа мягкой пшеницы с ее утроенной генетической информацией может быть использована для создания цитогенетических коллекций. Генетические манипуляции позволяют переносить индивидуальные хромосомы в интактном виде от одного сорта к другому (линии с замещением по одной хромосоме) и даже ограничивать рекомбинацию до одной хромосомы на единобразном в остальном генетическом фоне (линии с рекомбинацией по одной хромосоме).

Изначально генетический анализ позволял изучать только признаки с относительно простым генетическим контролем, и гены могли быть картированы в плечах хромосом по отношению, в основном, к ограниченному набору морфологических маркеров и маркеров, проявляющихся в виде той или иной патологии. Появившиеся в последние годы новые молекулярные методы дали изобилие новых маркеров, которые могут быть расставлены по всей длине хромосомных плеч. Новые вычислительные технологии позволяют картировать на хромосоме главные гены и полигены относительно молекулярных маркеров. Таким образом, расположение генов определяется с высокой точностью. Сцепление генов устойчивости с более просто определяемыми молекулярными маркерами может служить удобным диагностическим ярлыком при проведении в лабораторных условиях селекции на устойчивость к патогенам. Генетическая карта на базе молекулярных маркеров, позволяющая локализовать на хромосоме гены устойчивости, может также обеспечить существенную информацию для дополнительных исследований, направленных на то, чтобы определить, оказывает ли сам ген устойчивости или тесно сцепленные с ним гены положительный или отрицательный эффект на хозяйственно важные признаки, такие как продуктивность, высота растения или время цветения. Если обнаружено, что гены определяющие положительный или отрицательный эффект сцеплены с геном устойчивости, то информация полученная с помощью молекулярных маркеров может помочь селекционеру вести отбор на устойчивость плюс наилучшую комбинацию сцепленных генов.

В Центре Джона Иннеса мы используем новые методы для изучения генетического контроля устойчивости к *Septoria* ssp, *Fusarium* ssp и к различным видам тли. Все три признака находятся под мультигенным контролем. В случае устойчивости к тле должны быть рассмотрены три различных механизма, включающие антиксенозис (растение не является предпочтительным для вредителя), антибиозис (репродуктивная способность) и толерантность (способность растения противостоять заражению).

В этом сообщении мы используем наши исследования хромосомы 7D гексаплоидной пшеницы-синтетика в качестве примера изучения генов устойчивости как к *Septoria nodorum*, так и *Septoria tritici*.

## USING PRECISE GENETIC STOCKS TO STUDY THE GENETIC CONTROL OF PEST AND DISEASE RESISTANCE IN WHEAT

*Ellerbrook, C., Worland, A.*

Cereals Research Department, John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, UK

During the past 50 years considerable effort has been applied to developing precise genetic stocks and techniques of genetic analysis in bread wheat. Research has shown that the hexaploid nature of bread wheat, with its triplicated genetic information, can be utilised to develop precise genetic stocks. Genetic manipulation permits individual chromosomes to be transferred intact from one variety to another (single chromosome substitution lines) and even to limit recombination to a single chromosome in an otherwise genetically uniform background (single chromosome recombinant lines).

Initially genetic analysis only allowed characters of relatively simple genetic inheritance to be studied and genes to be mapped to chromosome arms in relation to a limited array of mainly morphological and pathological markers. In recent years the advent of new molecular techniques has developed a wealth of new markers that can be positioned along chromosome arms. New computational techniques permit major and minor genes (quantitative trait loci) to be positioned on the chromosome against the molecular markers. This accurately pinpoints the genes position. An association of resistance genes with more readily detectable molecular markers can provide a convenient diagnostic tag for laboratory selection and pyramiding of resistance genes. The molecular linkage map developed to position resistance genes on the chromosome can also provide the basic information for additional studies aimed at establishing whether the resistance gene itself or closely linked genes exert beneficial or deleterious effects on agronomically important characters like yield, height and flowering time. If deleterious or advantageous genes are shown to be linked to the resistance gene molecular marker information can be established to permit the breeder to select resistance plus the best combination of linked genes.

At the John Innes Centre we are utilising the new techniques to elucidate the genetic control of resistance to *Septoria spp*, *Fusarium spp* and to aphid species. All three traits are under multigenic control. In the case of aphid resistance three different resistance mechanisms involving antixenosis (non-host preference), antibiosis (reproductive ability) and tolerance (plants ability to resist infection) have to be considered.

In this presentation we will use our studies of chromosome 7D of a synthetic hexaploid wheat as an example of investigating genes for resistance to both *Septoria nodorum* and *Septoria tritici*.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ *TRITICUM TIMORHEEVII ZHUK.* В РЕКОНСТРУКЦИИ ГЕНОМА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И СОЗДАНИЕ ЛИНИЙ-ДОНОРОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ

Будашкина Е.Б., Калинина Н.П.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Реконструкция генома мягкой пшеницы с целью расширения спектра генетической изменчивости – одно из интенсивно развивающихся направлений. Тетраплоидный вид *Triticum timorheevii* Zhuk. (*T.t.*) обладает значительным пулом генов, представляющих интерес для селекции мягкой пшеницы. Непосредственное использование этого вида в селекции невозможно вследствие цитогенетической нестабильности гибридных форм в ранних поколениях. Требуется промежуточный этап – создание цитологически стабильных линий – доноров определенных генов, перенесенных в геном *T.aestivum* от *T.t.*

Цель исследования заключалась в том, чтобы выяснить особенности интрагрессии генетического материала тетраплоидного вида *T.t.* (геном AAGG, 2n=28) в геном гексаплоидной пшеницы *T.aestivum* L. (AABBDD, 2n=42) и обогатить этот вид генами устойчивости к болезням.

Для получения информации использовались следующие подходы:

- сравнительный анализ гибридных популяций, полученных от скрещивания разных сортов мягкой пшеницы с *T.t.*;
- цитологическое изучение процесса интрагрессии и особенности стабилизации гибридных форм ( $F_1B_1$ – $F_2B_1$ );
- использование разных методов идентификации генетического материала *T.t.*;
- генетический анализ интрагрессивных линий  $F_{12}B_1$ , устойчивых к ржавчине.

Показано, что идет интенсивное включение генетического материала *T.t.* в геном мягкой пшеницы в основном по принципу гомеологии целых хромосом или отдельных плеч. Линии разных гибридных комбинаций характеризовались разным числом замещенных хромосом на геном гибрида (2n=42): от 1,0 (Саратовская 29 × *T.t.*) до 3,07 (Пиротрикс 28 × *T.t.*). Наиболее часто в хромосомных перестройках участвовали хромосомы 7-й гомеологичной группы. При анализе стабильных линий, устойчивых к ржавчине, наибольшая частота замещений отмечена для 2-й и 6-й гомеологичных групп.

К настоящему времени нами создана коллекция интрагрессивных линий мягкой пшеницы, устойчивых к листовой ржавчине (*Puccinia triticina* Erikcs.) на генетической основе шести коммерческих сортов.

У них изучается экспрессия устойчивости к болезням в различной генетической среде, проводится генетический анализ и идентификация генов, перенесенных от *T.t.* методами молекулярно-генетического анализа.

## USING OF *TRITICUM TIMOPHEEVII* ZHUK. IN COMMON WHEAT GENOME RECONSTRUCTION AND DEVELOPMENT OF LINES – DONORS OF RESISTANCE TO DISEASES

*Budashkina, E.B., Kalinina, N.P.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Reconstruction of common wheat genome directed on enlarging of genetic diversity is one of the intensively developing fields. Tetraploid species *Triticum timopheevii* Zhuk. (*T.t.*) possesses a considerable gene pool interesting for breeding of common wheat. Immediate use of this species in breeding is not possible because of cytogenetic instability of hybrid forms in early generations. The intermediate stage is necessary, the development of cytologically stable lines – donors of definite genes transferred into *T.aestivum* from *T.t.*

The aim of investigation consisted in elucidation of peculiarities of genetic material introgression from tetraploid species *T.t.* (genome formula AAGG,  $2n=24$ ) into hexaploid wheat *T.aestivum* L. (AABBDD,  $2n=42$ ) and to enrich the last with genes for resistance to diseases.

The following approaches have been used for obtaining the information:

- comparative analysis of hybrid populations, derived from crosses of different commercial wheat cultivars with *T.t.*;
- cytological study of introgression process and of peculiarities of hybrid forms ( $F_1$ ,  $F_2$ ,  $B_1$ ) stabilization;
- using of different methods for identification of *T.t.* material;
- genetic analysis of introgressive lines  $F_{12}B_1$  resistant to rust.

It has been shown that the intensive incorporation of *T.t.* genetic material into common wheat genome occurs, presumably, in accordance with homoeology of entire chromosomes or separate arms. The lines from different hybrid combinations were characterized by different number of substituted chromosomes on the genome of hybrid from (*Saratovskaya 29*  $\times$  *T.t.*) to 3,07 (*Pyrotrix 28*  $\times$  *T.t.*) Most often the chromosomes of homoeological group were involved in chromosome reorganization. During analysis of stable lines resistant to rust the largest substitution frequency was marked for 2 and 3 homoeological group.

At present, we have developed the collection of stable lines resistant to leaf rust (*Puccinia triticina* Erikcs.) on the genetic basis of six commercial cultivars. The expression of disease resistance in different genotypic environment is under study now as well as the identification of transferred genes using molecular technique.

## НОВЫЙ ГЕН УСТОЙЧИВОСТИ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ

Транкушили Г.<sup>1</sup>, Антонелли И.<sup>2</sup>, Счламмер А.Р.<sup>1</sup>, Буллич Л.<sup>1</sup>, Томм Г.О.<sup>3</sup>,  
Суарез И.И.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Recursos Biologicos. INTA, Castelar, Argentina;

<sup>2</sup> Instituto de Genetica. INTA, Castelar, Argentina;

<sup>3</sup> Centro Nacional de Pesquisa de Trigo. Embrapa. Brasil

Получение сортов устойчивых к патогенам является одной из важных задач селекции пшеницы. Успехи в этом направлении частично связаны с постоянными усилиями, направленными на поддержание генетического разнообразия, для чего ведется поиск новых источников генов устойчивости.

Показано, что бразильская линия сложного происхождения, PF 869107, хорошо приспособлена к условиям выращивания характерным для юга Бразилии. Особенно удивительна ее устойчивость к целому ряду патогенов, таких как мучнистая роса и различные виды ржавчины. Цель этой работы – определить генетические компоненты устойчивости этой линии к листовой ржавчине.

Чтобы выяснить, можно ли объяснить наблюдаемую устойчивость эффектом уже известных генов, набор из 22 различных патогенных разновидностей *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* тестировался на проростках. Проведенный анализ позволил прийти к выводу о наличии нескольких генов, и в их числе – *Lr24*, *Lr16* и *Lr17*. Тем не менее, не все наблюдаемое разнообразиеказалось возможным объяснить с помощью данного набора патогенов, что привело к предположению о присутствии иного гена устойчивости в линии PF 869107.

Далее, чтобы установить хромосомную локализацию этого предположительно нового гена, проведен моносомный анализ F<sub>2</sub>. Две патогенные разновидности *P. recondita* f. sp. *tritici* из Аргентины, 66 и 77, отобраны, чтобы провести скрининг 17 полученных моносомных семей F<sub>2</sub>. Устойчивость к этим патогенам обеспечивалась доминантными аллелями, и в 16 семьях расщепление хорошо соответствовало ожидаемому 3 (устойчивые) : 1 (поражаемые патогеном). Хромосомы 5A и 2B отмечены как критические для патогенных вариантов 66 и 77, соответственно.

Ранее уже были сообщения о том, что гены устойчивости к листовой ржавчине находятся в хромосоме 2B, однако никогда прежде не упоминалось о локализации генов, контролирующих реакцию на ржавчину на хромосоме 5A. В завершение были проведены дальнейшие исследования этой хромосомы, чтобы выявить сцепление с центромерой методом телоцентрического картирования. Линии сорта «Chinese Spring» дителосомные по длинному плечу хромосомы 5A использованы для создания необходимой для картирования популяции BC<sub>1</sub>. Результаты анализа 83 индивидуальных растений продемонстрировали, что ген устойчивости находится в длинном плече и не сцеплен с центромерой (54% рекомбинации). В настоящее время проводится работа по изучению сцепления с молекулярными маркерами.

**NEW GENE FOR LEAF RUST RESISTANCE**

*Tranquilli, G.<sup>1</sup>, Antonelli, E.<sup>2</sup>, Schlatter, A.R.<sup>1</sup>, Bullrich, L.<sup>1</sup>, Tomm, G.O.<sup>3</sup>, Suarez, E.Y.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Instituto de Recursos Biologicos. INTA, Castelar, Argentina;

<sup>2</sup> Instituto de Genética. INTA, Castelar, Argentina;

<sup>3</sup> Centro Nacional de Pesquisa de Trigo. Embrapa. Brasil

Disease resistance is one of the important goals in wheat breeding programs, and its success is in part due to the permanent efforts made to maintain the genetic diversity by seeking for new sources of resistance genes.

The Brazilian line PF 869107, having a complex genealogy, has shown a good adaptive performance to the growing conditions present in the South of Brazil. Particularly, it has been characterised for its striking resistance to a wide range of pathogen agents like mildew and rusts. The present study was undertaken to determine the genetic components of its resistance to leaf rust.

Seedling tests with a set of 22 differential pathotypes of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* were performed in order to assess if the observed resistance could be explained by known resistance genes. From this analysis, it was possible to postulate the presence of more than one gene, including *Lr24*, *Lr16* and *Lr17*. However, not all the observed variation was possible to be explained by this set of differential pathotypes, suggesting that an alternative resistance gene should be present in PF 869107.

Subsequently, an *F*<sub>2</sub> monosomic analysis was performed to establish the chromosomal location of this putative new gene. Two pathotypes of *P. recondita* f. sp. *tritici*, 66 and 77 from Argentina, were selected to screen the 17 *F*<sub>2</sub> monosomic families produced. Resistance to these pathotypes was conferred by dominant alleles, and 16 families displayed a good fit to the 3 resistant:1 susceptible expected ratio. Chromosomes 5A and 2B were identified as the critical ones for pathotypes 66 and 77, respectively.

Leaf rust resistance genes have been reported on chromosome 2B, however, no previous information has been mentioned about genes controlling rust reaction on chromosome 5A. In consequence, further investigations have been focused on this chromosome and the have been aimed to establish the linkage with the centromere by mean of telocentric mapping. The Chinese Spring ditelosomic line for the long arm of chromosome 5A was used to generate a BC<sub>1</sub> mapping population. Results obtained from the analysis of eight individuals indicated that the gene is located on the long arm, not linked to the centromere (54% of recombination frequency). Studies of linkage with molecular markers are currently in progress.

## ХРОМОСОМНЫЙ КОНТРОЛЬ СПЕЦИФИЧНОСТИ ПОЛИГЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ

Булоичик А.А., Борзяк В.С., Волуевич Е.А.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

Специфичность полигенной устойчивости пшеницы к бурой ржавчине была показана И.Г.Одинцовой (1988). В дальнейшем выявили участие в дифференциальных взаимодействиях растения-хозяина и патогена цитоплазматической генетической системы *Triticum aestivum L.* (Волуевич, Булоичик, 1995).

Целью настоящего исследования являлось выяснение участия отдельных плеч хромосом генома мягкой пшеницы в контролировании полигенной устойчивости к возбудителю бурой ржавчины. Материалом служили 38 дителоцентрических линий сорта Chinese Spring. Для анализа полигенной устойчивости использовали отсеченные листья 9-дневных проростков, разложенные на агаризованную среду с добавлением бензимидазола (Волуевич, Булоичик, 1991). Инокулировали водной суспензией уредоспор 5 патотипов бурой ржавчины. Клоны патогена различались по генам вирулентности на наборе изогенных линий сорта Thatcher и по агрессивности к сорту Chinese Spring. Спустя 8 суток после заражения учитывали среднюю спороносящую способность с 1 см<sup>2</sup> листовой поверхности (СССЕЛП).

Полученные данные показали, что отсутствие плеч хромосом 4AS и 1DS не влияет на полигенную устойчивость ни к одному из исследованных патотипов гриба. На обоих плечах хромосом 7A, 1B, 5B, 7B, 6D, 7D и на плечах 1AS, 2AS, 3AS, 3BL, 4BS, 1DL, 2DL, 3DL, 5DL локализованы полигены устойчивости, экспрессия которых не зависит от патогенных особенностей клонов возбудителя бурой ржавчины. Отсутствие плеча 3DS приводило к значительному снижению СССЕЛП 5 патотипов патогена. Вероятно, это плечо несет сильный генетический фактор (или факторы) общего действия, ингибирующий полигенную устойчивость ко всем клонам. Оба плеча хромосом 6A, 2B, 6B, и 4D и плечи хромосом 1AL, 3AL, 4AL, 5AL, 3BS, 2DS контролируют специфичность полигенной устойчивости. Большинство из них имеет полигены устойчивости к 3–4 клонам гриба (к №59, №76, №98 и №91). Плечи хромосом 6BL, 6BS, 2DS, 4DL участвуют в контролировании полигенной устойчивости только к одному клону (№98 или №9.2) и не несут генетических факторов, ответственных за формирование резистентности к остальным четырем патотипам. Более существенную роль в дифференциальных взаимодействиях растения-хозяина и патогена играет плечо 2BL, которое несет полигены устойчивости к клонам №59 и №9.2 и не имеет их к другим исследованным патотипам.

Изучение полигенной устойчивости дителоцентрических линий пшеницы к бурой ржавчине показало: 1) в защитных реакциях растения-хозяина существует большинство хромосом, за исключением плеч 4AS и 1DS; 2) 21 плечо хромосом несет полигены устойчивости ко всем исследованным патотипам; 3) выявлены плечи хромосом, специфично участвующие в формировании полигенной устойчивости к определенным клонам гриба; 4) установлено, что плечо 3DS несет ген (или гены), ингибирующий устойчивость к изученным патотипам возбудителя бурой ржавчины.

## CHROMOSOME CONTROL OF POLYGENIC RESISTANCE SPECIFICITY OF COMMON WHEAT TO BROWN RUST

Buloichik, A.A., Borzyak, V.S., Voluevich, E.A.

Institute of Genetics and Cytology of NAS of Belarus, Minsk, Belarus

Specificity of wheat polygenic resistance to brown rust was shown by I.G.Odintsova (1988). Involvement of cytoplasmic genetic system of *Triticum aestivum* L. in differential interactions between host-plant and pathogen was revealed later on (Voluevich, Buloichik, 1995).

The goal of the current research was to ascertain the involvement of individual chromosome arms of common wheat genome in controlling polygenic resistance to brown rust. Thirty eight ditelocentric lines of Chinese Spring served as a material. Cut-off leaves of 9-day seedlings placed in agar-agar medium with addition of benzimidazole were used for analysing polygenic resistance (Voluevich, Buloichik, 1991). Five brown rust pathotypes were inoculated with uredospore water suspension. Pathogen clones were distinguished by virulence genes in a set of isogenic lines of Thatcher and by aggressiveness to Chinese Spring. The mean-spore-forming ability of pathogen clone per 1 cm<sup>2</sup> of leaf area (MSFA) was determined after 8 days following inoculation.

The data obtained have shown that the absence of chromosome arms 4AS and 1DS does not affect polygenic resistance to any fungus pathotype studied. Resistance polygenes whose expression do not depend on pathogenic peculiarities of brown rust clones, were localized on both arms of chromosomes 7A, 1B, 5B, 7B, 6D, 7D and on arms 1AS, 2AS, 3AS, 3BL, 4BS, 1DL, 2DL, 3DL and 5DL. The absence of arm 3DS resulted in great reduction in MSFA of 5 pathogen pathotypes. This arm seems to bear a strong genetic factor (or factors) of general action inhibiting polygenic resistance to all the clones. Both arms of chromosome 6A, 2B, 6B and 4D and the arms of chromosomes 1AL, 3AL, 4AL, 5AL, 3BS and 2DS control polygenic resistance specificity. Most of them have polygenes of resistance to 3–4 fungus clones (to N59, N76, N98 and N91). The arms of chromosomes 6BL, 6BS, 2DS and 4DL are involved in controlling polygenic resistance only to one clone (N98 or N9.2) and do not carry the genetic factors responsible for developing resistance to other 4 pathotypes. The arm 2BL that carries polygenes of resistance to clone N59 and N9.2 and has no them to other pathotypes studied plays a more important role in differential interactions between host-plant and pathogen.

The study on polygenic resistance of wheat ditelocentric lines to brown rust has shown the following: 1) most of chromosomes, except the arms 4AS and 1DS, are involved in host-plant defense reactions; 2) 21 chromosome arms carry polygenes of resistance to all the pathotypes studied; 3) chromosome arms specifically involved in developing polygenic resistance to certain fungus clones were revealed; 4) the arm 3DS carries gene (or genes) inhibiting resistance to the studied pathotypes of brown rust.

## ИСТОРИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ ПРОГРАММЫ ПО ПШЕНИЦЕ И ЕЕ БУДУЩИЕ ЗАДАЧИ

Моргунов А.<sup>1</sup>, Раджарам С.<sup>2</sup>, Ван Гинкель М.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>CIMMYT, Almaty, Kazakhstan;

<sup>2</sup>CIMMYT, Mexico, D.F., Mexico

К 2020 г. потребность в пшенице в глобальном масштабе составит, в соответствии с прогнозами, от 840 (Rosegrant et al., 1995) до 1050 млн. т (Kronstad, 1998). Чтобы достичь такого результата, необходимо увеличивать мировое производство пшеницы на 1,6–2,6% ежегодно по отношению к нынешнему уровню в 560 млн. т. Прирост мировой продукции зерновых культур с 1950 г. на 90% был обеспечен ростом урожайности пшеницы (Mitchell et al., 1997). Использование сортов, полученных в CIMMYT. Селекционные методы CIMMYTа направлены на получение сортов с широкими адаптивными возможностями, устойчивых к болезням и дающих высокие и стабильные урожаи в самых различных агроклиматических условиях. Такой подход принес значительные результаты. Общая посевная площадь яровой мягкой пшеницы в развивающихся странах (за исключением Китая) составляет около 63 млн. га, из них 36 млн. га засевается сортами из коллекции CIMMYTа. Целевая селекция – мега-средовая концепция. Чтобы удовлетворить потребности разнообразных географических областей, в которых выращивают пшеницу, CIMMYT в 1988 г. разработал мега-средовую концепцию (ME) (Rajaram et al., 1994). ME – это широкая, не обязательно непрерывная область, занимающая более, чем одну страну, часто – трансконтинентальная, которая определяется сходными биотическими и абиотическими стрессирующими факторами, потребностями агротехники, традициями потребления и, для удобства, объемом производимой продукции. Использование обширной генетической коллекции для поддержания генетического разнообразия. Большие ресурсы генетических коллекций необходимы для проведения тщательной и успешной селекционной программы. Особое внимание уделяется генетическому разнообразию коллекций сортов CIMMYTа для того, чтобы свести к минимуму риск их генетической уязвимости, т.к. эти сорта выращиваются на обширных территориях. Группа родительских линий, рассматриваемых в качестве базы для проведения скрещиваний, каждый год составляет 300–500 линий. Дважды в год около 30% родительских сортов замещается новыми, превосходящими их сортами. Тестирование в разнообразных условиях и широкая адаптация. Около 4000 улучшенных линий пшеницы, полученных на примерно 1500 экспериментальных делянках и в питомниках ежегодно рассыпается в более чем 200 различных мест. Тестирование во многих местах играет ключевую роль для выявления наилучших вариантов для скрещиваний. Поскольку членочная программа позволяет проводить два полных селекционных цикла в год, проходит 5–6 лет от скрещиваний до международного распространения улучшенных линий среди участников программы. Такая «возвратная селекционная программа» обеспечивает непрерывное быстрое накопление нужных генов. Селекция на увеличение урожайности и повышение стабильности. В среднем, ежегодный прирост урожая пшеницы CIMMYTа составляет 0,9%, и нет никаких свидетельств того, что достигнуто плато. Этот генетически обусловленный прогресс в увеличении потенциала продуктивности

тесно связан с возрастанием активности фотосинтеза (Rees et al., 1993). Как активность фотосинтеза, так и потенциал продуктивности возросли за 30-тилетний период на 25%. Эти заключения могут иметь важное значение для будущей стратегии селекционной программы CIMMYTа, поскольку есть данные, что посев пшеницы с генотипом, обеспечивающим более высокую скорость фотосинтеза, имеет более низкую температуру. Последняя может быть быстро и просто измерена с помощью термометра, который экспериментатор держит в руке. Селекция на длительную устойчивость к болезням. Стратегия CIMMYTа в отношении видов ржавчины, поражающие зерновые культуры, заключается в том, чтобы вести селекцию на общую устойчивость (низкую поражаемость ржавчиной) на основе генов, вклад которых в эту устойчивость был исторически доказан. Эту неспецифическую устойчивость можно дальнейшем разнообразить, накапливая различные полигены и комбинируя их с различными специфичными генами, чтобы обеспечить определенную степень дополнительного генетического разнообразия. Эта концепция применяется также к другим болезням, таким, как вызываемая септорией листовая пятнистость, вызываемое фузариумом поражение колоса и т. д. Обсуждаются дальнейшие направления исследований в следующих областях: стабильность урожая и его потенциал, питание растений физиология, гибридная пшеница, биотехнология.

## HISTORICAL ASPECTS OF INTERNATIONAL WHEAT PROGRAM AND FUTURE CHALLENGES

Morgounov, A.<sup>1</sup>, Rajaram, S.<sup>2</sup>, Van Ginkel, M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> CIMMYT, Almaty, Kazakhstan;

<sup>2</sup> CIMMYT, Mexico, D.F., Mexico

The forecasted global demand for wheat in the year 2020 varies between 840 (Rosegrant et al., 1995) to 1050 million tons (Kronstad, 1998). To reach this target, global production will need to increase 1,6 to 2,6% annually from the present production level of 560 million tons. Increases in realized grain yield have provided about 90% of the growth in world cereal production since 1950 (Mitchell et al., 1997). Adoption of CIMMYT-based germplasm. CIMMYT's breeding methodology is tailored to develop widely adapted, disease resistant germplasm with high and stable yield across a wide range of environments. The impact of this approach has been significant. The total spring bread wheat (*Triticum aestivum L.*) area in developing countries, excluding China, is around 63 million ha of which 36 million ha or 58% are planted to varieties derived from CIMMYT germplasm. Targeted breeding – the mega-environment concept. To address the needs of diverse wheat growing areas, CIMMYT has introduced in 1988 the concept of mega-environments (ME) (Rajaram et al., 1994). A ME is defined as a broad, not necessarily contiguous area, occurring in more than one country and frequently transcontinental, defined by similar biotic and abiotic stresses, cropping system requirements, consumer preferences, and, for convenience, by a volume of production. Use of a diverse genepool for crossing to maintain genetic diversity. Broad based plant germplasm resources are imperative for a sound and successful breeding program. Utmost attention is given to the genetic diversity within the CIMMYT germplasm to minimize the risk of genetic vulnerability, since it is grown on large areas. Parental group of lines considered for crossing in any year consist of 500–800 lines. Twice a year around 30% of the parental stocks are replaced with outstanding introductions. Multi-lokalional testing and wide adaptation. Around 1500 sets of yield trials and screening nurseries consisting of around 4000 advanced bread wheat lines are annually sent to more than 200 locations. Multi-lokalional testing plays a key-role in identifying best performing entries for crossing. Since the shuttle program permits two full breeding cycles / year, it takes around five to six years from crossing to international distribution of advanced lines to cooperators. This "recurrent selection program" ensures continuos and fast pyramiding of desirable genes. Breeding for high yield potential and enhanced stability. The average yield increase in CIMMYT wheat per year was 0,9% and there is no evidence that a yield plateau is reached. This genetic progress in increasing the yield potential is closely associated with an increase in the photosynthetic activity (Rees et al., 1993). Both, photosynthetic activity and yield potential increased over the 30 year period by some 25%. These findings may have major implications on CIMMYT's future selection strategy since there is evidence that wheat genotypes with a higher photosynthesis rate have a lower canopy temperature, which can be easily, fast and cheaply measured using a hand-held thermometer. Breeding for durable disease resistance. CIMMYT's strategy in the case of cereal rusts is to breed for general resistance (slow rusting) based on historically proven stable genes. This non specific

resistance can be further diversified by accumulating several minor genes and combining them with different specific genes to provide a certain degree of additional genetic diversity. This concept is also applied to other diseases like septoria leaf blotch, fusarium head scab etc. Future research directions in the following areas are discussed: yield stability and yield potential, plant nutrition, physiology, hybrid wheat, biotechnology.

# СТЕНДОВЫЕ СООБЩЕНИЯ

# POSTER PRESENTATIONS

**Секция 1 / Session 1****ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ НЕСТАБИЛЬНЫХ МУТАНТОВ ПШЕНИЦЫ**

*Сень Л.А., Володин В.Г., Елеф А.В., Ванах П.В., Михаленко Н.А.*

Институт генетики и цитологии НАН, Минск, Беларусь

При облучении сортов яровой пшеницы гамма-лучами дозой 10 кР наряду с константными мутантами по морфологическим признакам получены также и нестабильные мутанты, которые в ряде последующих поколений расщеплялись по мутантному признаку на несколько фенотипов. Некоторые формы через ряд поколений стабилизировались. Особенности нестабильных генотипов обусловили их дальнейшее изучение цитологическими методами. У этих форм и их гибридов F<sub>1</sub> с исходными сортами изучен мейоз при микроспорогенезе. Показано, что нестабильные мутанты являются результатом как генных мутаций, так и различных аберраций хромосом. Нестабильные мутанты отличались от константных и от исходных сортов как по количеству, так и по типам нарушений. Особенно отчетливо прослеживается разница по количеству нарушений в первом делении мейоза. У всех изученных нестабильных мутантов, кроме одного, частота нарушений была выше, чем у константных генотипов. У мутантов, полученных на сорте Сонора 64 и Ленинградка, преобладали нарушения коньюгации, расхождения хромосом и мосты. У мутантов на сорте Сонора 63 и Янтарь Роджо 64 преобладали те же аномалии, кроме мостов. В то же время у них значительно возросло число фрагментов по сравнению с исходным сортом (с 16,3 до 48,9%). Таким образом, для всех нестабильных мутантов характерно преобладание нарушений, указывающих на ослабление коньюгации хромосом (открытые биваленты, униваленты). Нами изучена гетерохроматиновая (ГХ) структура хромосом и частота сестринских хроматидных обменов (СХО) у нестабильных мутантов. Исследования показали, что нестабильные мутанты в большей степени отличаются от исходных сортов по ГХ структуре хромосом и частоте СХО, чем константные мутанты по количественному содержанию ГХ и по степени полиморфизма ГХ рисунка хромосом. Для нестабильных генотипов пшеницы характерно более высокое число ГХ дисков хромосому, чем для константных генотипов. У нестабильных мутантов наблюдается тенденция к возрастанию числа хромосом с СХО по сравнению с исходным сортом, однако, степень возрастания у разных мутантов различна. Наибольшие различия между нестабильными и константными генотипами наблюдались по числу обменов на одну хромосому, у нестабильных генотипов этот показатель значительно выше. В результате исследований установлено, что у нестабильных мутантов существует взаимосвязь между числом фенотипических классов и степенью полиморфизма ГХ рисунка хромосом. По другим гетерохроматиновым параметрам взаимосвязи с числом феноклассов не обнаружено.

## CYTOGENETIC ANALYSIS OF UNSTABLE WHEAT MUTANTS

*Sen, L.A., Volodin, V.G., Yelef, A.V., Vanakh, P.V., Mikhaleenko, N.A.*

Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, Minsk, Belarus

Along with constant mutants by morphological traits, unstable mutants, which segregated by mutant trait into some phenotypes in a number of subsequent generations, were also obtained by exposing spring wheat cultivars to 10 kR gamma radiation. Some forms stabilized in a series of generations. Peculiarities of unstable genotypes gave rise to their subsequent study by cytological methods. Meiosis during microsporogenesis was studied in these forms and their hybrids F<sub>1</sub> with initial cultivars. Unstable mutants were shown to result from both gene mutations and different chromosome aberrations. Unstable mutants differed from constant and initial cultivars in both quantity and types of disturbances. The difference in the quantity of disturbances is more distinctly followed in the first meiosis division. The disturbance frequency was higher in all the unstable mutants studied, except for one, than in constant genotypes. Disturbances in conjugation, divergence of chromosomes and bridges prevailed in mutants obtained in cultivars Sonora 64 and Leningradka. The same anomalies, except for bridges, prevailed in mutants of Sonora 63 and Lerma Rodgo 64. At the same time the number of fragments in them increased greatly in comparison with the initial cultivar (from 16,3 to 48,9%). So, prevalence of disturbances pointing to attenuation of chromosome conjugation (rod bivalents, univalents) is characteristic of all unstable mutants. We have studied heterochromatin (HC) structure of chromosomes and frequency of sister chromatid exchanges (SCE) in unstable mutants. Investigations have shown that unstable mutants differ to a greater extent from the initial cultivars in the HC structure of chromosomes and the SCE frequency than constant mutants for both quantitative HC content and the degree of polymorphism of chromosome HC pattern. A higher number of HC disks per chromosome is typical for unstable wheat genotypes than for constant ones. The tendency to an increase in the number of chromosomes with SCE as against the initial cultivar is observed in unstable mutants, however the extent of increase is different in various mutants. The greatest differences between unstable and constant genotypes were noted in the number of exchanges per chromosome. This value was much higher in unstable genotypes. As a result of investigations, it was revealed that there is relationship between the number of phenotypic classes in unstable mutants and the degree of polymorphism of chromosome HC pattern. No correlation with the number of phenoclasses was revealed for other heterochromatin parameters.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДИСОМНЫХ ЛИНИЙ ОПАЛ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ГЕТЕРОЗИСА У ПШЕНИЦЫ

*Куделко Л.И., Анисимова Н.В., Дыленок Л.А., Яцевич А.П., Шаптуренко М.*

Институт генетики и цитологии НАН, Минск, Беларусь

Предложен новый подход прогнозирования гетерозиса с использованием оценки молекулярно-генетического полиморфизма оригинального исходного материала. Внюю работу включен качественно новый генетический материал – дисомные линии, созданные на основе 42-хромосомных растений из потомства моносомиков яровой пшеницы Опал. Ранее нами показано, что изменчивость 42-хромосомных растений прошедших через моносомное состояние, значительно шире, чем исходного сорта Опал. Между дисомными линиями выявлены различия по характеру проявления качественных признаков, силе корреляционных связей, комбинационной способности. Все это явилось основанием для включения дисомных линий в исследование эффекта гетерозиса у пшеницы.

Здесь представлены результаты изучения гибридов  $F_1$ , полученных от скрещивания полной серии дисомных линий Опал (21 линия) с тремя сортами-тестерами. Продолжены следующие признаки: длина колоса, число и масса зерен главного колоса, масса зерен растения, масса 1000 зерен. В комбинациях с сортом Ленинградка пятнадцать гибридов оказались гетерозисными по массе зерен колоса, причем наибольший гетерозис наблюдался в скрещиваниях с линиями 1В, 6В и 7В (26,8, 24,4%). В комбинации линия 7В × Харьковская 8 гетерозис по этому признаку составил 26,6%. Менее значительный гетерозис наблюдался еще в пяти комбинациях с сортом Харьковская 8. По массе зерен растения максимальный гетерозис составил 55,3% в скрещивании линии 4В с сортом Харьковская 8. По массе 1000 зерен гетерозис проявился у 14 гибридов, полученных от скрещивания линий с сортом Ленинградка, у 10 из них он составил 10–18%. 13 гибридов, полученных от скрещивания линий с сортом Харьковская 8 также имели гетерозис по этому признаку. По числу зерен главного колоса из 63 комбинаций скрещивания гетерозис наблюдался лишь в 11 случаях, максимальное его проявление 12,6% было у гибридов 7В × Харьковская 8. Гетерозис по длине колоса проявился только в скрещиваниях с сортом Ленинградка и не превышал 5%.

Анализ полученных данных позволил выделить дисомные линии, при скрещивании которых с сортами-тестерами в большей или меньшей степени проявился гетерозис. Эти линии включены в молекулярно-генетический анализ на основе полимеразной цепной реакции. Этим методом будут проанализированы хромосомы дисомных линий по известным микросателлитным последовательностям с использованием специфических праймеров к этим последовательностям. Возможно, сопоставление генетического полиморфизма, определяемого на основе ПЦР, с проявлением гетерозиса у гибридов в тестерных и диаллельных скрещиваниях несколько прольет свет на природу столь сложного и интересного явления, как гетерозис.

## USE OF OPAL DISOMIC LINES FOR STUDYING HETEROSES IN WHEAT

Kudelko, L.I., Anisimova, N.V., Dylenok, L.A., Yatsevich, A.P., Shapturenko, M.N.

Institute of Genetics and Cytology, NAS of Belarus, Minsk, Belarus

In spite of the fact that heterosis is studied and used in different crops, development of new approaches to heterosis prediction, in particular based on utilizing original initial material and estimating its molecular-genetic polymorphism, deserves attention. The given paper contains qualitatively new genetic material, namely disomic lines developed on the basis of 42-chromosome plants from monosomic progeny of Opal spring wheat. Earlier we have shown that variability of 42-chromosome plants that completed monosomic state is much wider than in the initial variety Opal. Differences in the pattern of displaying quantitative characters, strength of correlation, combining ability were revealed among disomic lines. All this was the ground for including disomic lines in studying heterosis effect in wheat.

Here are given the result of studying F<sub>1</sub> hybrids from crossing a complete series of Opal disomic lines (21 lines) with three varieties. The following traits were analyzed: ear length, grain number and weight of major ear, plant grain weight and 1000-grain weight. In the combination with v. Leningradka fifteen hybrids were heterotic for ear grain weight, with highest heterosis being observed in crosses with lines 1B, 6B and 7B (26,8, 26,1 and 24,4% respectively). In the combination 7B × Kharkovskaya 8 heterosis for this trait was 26,6%. Minor heterosis was also observed in 5 combinations with v. Kharkovskaya 8. Maximum heterosis made up 55,3% for plant grain weight in crossing the line 4B with v. Kharkovskaya 8. Heterosis was also observed in other 12 crossing combinations with the same variety. Eight hybrids with v. Leningradka were heterotic, the highest value (44,8%) was shown by the combination 6D × Leningradka. Heterosis for 1000-grain weight manifested itself in 14 hybrids with v. Leningradka and made up 10–18% in 10 of them. Heterosis for this trait was also observed in 13 hybrids with v. Kharkovskaya 8. As for the number of grains per major ear, out of 63 crossing combinations heterosis was noted only in 3 cases, with its maximum manifestation (12,6%) being in hybrids 7B × Kharkovskaya 8. Heterosis for ear length manifested itself only in crosses with v. Leningradka and did not exceed 5%.

The analysis of the data obtained allowed selection of disomic lines at crossing of which with varieties heterosis manifested itself to a greater or smaller degree. These lines were included in molecular-genetic analysis based on polymerase chain reaction. This method will be used for analyzing chromosomes of disomic lines in terms of the known microsatellite sequences by using specific primers for these sequences. Perhaps, comparing the data of genetic polymorphism, determined on the basis of PCR, with heterosis manifestation in hybrids will slightly clarify the nature of so complicated and interesting phenomenon as heterosis.

## БЕЛКИ АНТИГЕНЫ ЗЕРНА КАК МАРКЕРЫ ХРОМОСОМ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

*Хакимова А.Г.*

Государственный НЦ РФ Всероссийский НИИ растениеводства им. Н.И.Вавилова,  
Санкт-Петербург, Россия

Непроламиновые белки зерна, экстрагируемые из муки 70% этанолом, имеют высокую антигennую активность. Эти белки были использованы для серологической идентификации геномов A, B и D полиплоидной пшеницы (Конарев и др., 1976). Информация о генетическом контроле этих белков необходима, чтобы использовать их как маркеры хромосом пшеницы. Данное сообщение описывает выделение четырех групп антигенов в составе непроламиновых белков, изучение их хромосомного контроля, наследования и распределения у различных видов *Triticum L.* и *Aegilops L.* были использованы поликлональные иммунные сыворотки на спирторастворимые белки *Ae.tauschii* и *Ae.longissima*. Моноспецифические сыворотки получали из поликлональных сывороток путем их абсорбции белками разных видов. С помощью этих сывороток были выделены четыре группы антигенов. Они, соответственно, были обозначены как I–IV. Антигены групп I–III были представлены двумя–тремя компонентами с близкой иммуно-диффузионной подвижностью, а группы IV – одиночным антигеном. Показаны внутривидовые и межвидовые различия по распределению антигенов. Так, антигены группы I были обнаружены только у *Ae.tauschii* и мягкой пшеницы. Антигены группы II присутствовали у всех диплоидных видов эгилопса и пшеницы, тетраплоидных видов *T.timopheevii* и *T.araraticum* и у всех изученных сортов мягкой пшеницы за исключением Новосибирской 67. Антигены группы III характерны для диплоидных и гексаплоидных видов эгилопса и пшеницы. Но у большинства тетраплоидных пшениц они не выявлены. Эти антигены были обнаружены только в *T.dicoccum* и некоторых сортах *T.durum*. Антиген группы IV был представлен в *Ae.longissima*, *Ae.sharonensis*, *Ae.tauschii* и *Ae.umbellulata*. У сортов мягкой и твердой пшеницы выявлена дифференциация по наличию– отсутствию данного антигена. С помощью нулли-тетрасомных и дителосомных линий сорта Chinese Spring (C) также линий с межсортовым замещением хромосом CS/Cheyenne и CS/Hope было определена хромосомная локализация генов, контролирующих синтез антигенов. Было показано, что антигены группы I и II кодируются генами, локализованными в коротких плечах хромосом 7D и 5D. В то время, как антигены группы III контролируются генами длинных плеч хромосом 5B и 5D. Ген, определяющий антиген группы IV, расположен в хромосоме 3B. Наследование антигенов групп II и IV изучали в F<sub>2</sub> гибридов от скрещивания между собой сортов мягкой пшеницы Canthatch и Новосибирская 67, Hope и Kharkov W233. Показан моногенный характер наследования обоих групп антигенов. Полученные данные свидетельствуют о перспективности использования антигенов как маркеров хромосом в анализе межвидовых гибридов интрагрессивных форм, полученных с участием различных видов эгилопса и пшеницы.

## PROTEIN SEED ANTIGENS AS MARKERS OF BREAD WHEAT CHROMOSOMES

*Khakimova, A.G.*

N.I.Vavilov All-Russia Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russia

Nonprolamin proteins of cereal seeds extracted from flour with 70% ethanol have high antigen activity. These proteins were used for serological identification of the genomes A, B and D of polyploid wheat (Konarev et al., 1976). The information on a genetic control of these proteins is necessary for usage them as markers of wheat chromosomes. This report describes isolation of four groups of antigens in the composition of non-prolamin proteins, investigation of their chromosomal localization, inheritance and allocation in different species of *Triticum* L. and *Aegilops* L. Polyclonal rabbit antisera to ethanol soluble proteins of *Ae.tauschii* and *Ae.longissima* were applied. Monospecific antibodies from polyclonal antisera were obtained by absorption them with seed proteins of different species. Using monospecific antibodies four groups of antigens have been isolated. They were named as I, II, III, and IV, respectively. The antigens of groups I-III were represented by two or three precipitin arcs with close immunodiffusion mobility in agar gel, while of group IV – by single arc. Intraspecies and interspecies variation of antigens in *Aegilops* and *Triticum* have been shown. The antigens of group I were revealed only for *Ae.tauschii* and bread wheat. The antigens of group II were presented in all diploid species of *Triticum* and *Aegilops*, in tetraploid species *T.timopheevii* and *T.araraticum* and in all investigated cultivars with the exception of Novosibirskaya 67. The antigens of group III were revealed in all diploid and hexaploid species of *Aegilops* and *Triticum*. But for the majority of studied tetraploid wheats they were not detected. These antigens were found only for *T.dicoccum* and for some cultivars of *T.durum*. The antigen of group IV was characteristic for *Ae.longissima*, *Ae.sharonensis*, *Ae.tauschii*, and *Ae.umbellulata*. For the cultivars of bread wheat and durum wheat intraspecies differentiation has been shown on presence or absence of the antigen of group IV. Chromosomal location of genes controlling synthesis of the antigens was investigated by using nullisomic-tetrasomic and ditelosomic lines of cultivar Chinese Spring (CS). The lines with chromosomal substitutions CS/Cheyenne and CS/Hope also were applied. It has been shown that antigens of group I and II were encoded by the genes located on the short arms of chromosomes 7D and 5D, while the antigens of group III were encoded by the genes located on the long arms of chromosomes 5B and 5D. Gene controlling the antigen of group IV was located on chromosome 3B. Inheritance of the seed antigens of group II and IV was studied in F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations of hybrids from crossing between bread wheat cultivars Canthatch and Novosibirskaya 67, Hope and Kharkov W233. Monogenic type of inheritance for both groups of antigens have been shown. The results obtained suggest that it is possible to use seed antigens as markers of chromosomes in analysis of hybrids and introgressive forms received with the participation of different species of *Triticum* and *Aegilops*.

# ИЗУЧЕНИЕ ЛИНЕЙНЫХ ПАРАМЕТРОВ ЗЕРНА ДИТЕЛОСОМНЫХ ЛИНИЙ СОРТА CHINESE SPRING

*Ермакова М.Ф., Попова Р.К.*

Институт цитологии генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Серии анеуплоидов сорта Chinese Spring, созданные Э.Сирсом (Sears, 1954), широко используются в генетических исследованиях технологических качеств зерна (Watterson, 1968; Shepherd, 1968; Майстренко и др., 1973; Майстренко, 1977; Barneix et al., 1977). Линейные параметры зерновки имеют большое значение в мукомольной промышленности при переработке зерна. В пределах рода *Triticum* L. отмечается полиморфизм по размерам и форме зерновки. Кроме того, толщина зерна в наибольшей степени характеризует его мукомольные свойства и между толщиной зерна мягкой пшеницы и содержанием в нем эндосперма существует тесная корреляционная связь ( $r=0,99\pm0,061$ ) (Беркутова и др., 1977).

Анализ дителосомных линий (ДТ) сорта Chinese Spring (CS) проводили по линейным показателям: длина, ширина и толщина зерновки (мм), а также изучали массу 1000 зерен (в граммах). В каждой линии брали пробу из 25 зерен в 4-х полевых повторениях, контролем служил зуплоид CS.

Отмечено разнообразие зерновок по внешнему виду – удлиненные и укороченные, узкие и широкие, поверхность гладкая и морщинистая.

Наряду с формой и размером зерновки, немаловажное значение как для селекционных, так и для технологических целей имеет ее поверхность. Сильно выраженная морщинистость, которая является нежелательным признаком, имеет зерно ДТ линий 2 и 6-й гомеологических групп хромосом. При изучении признака масса 1000 зерен восемь линий (3AL, 5AL, 1BL, 2BL, 3BL, 2DS, 3DL, 7DS) достоверно не отличается от контроля ( $28,8\pm0,85$  г), в остальных линиях этот показатель колеблется от 21,2 г (1DL) до 25,4 г (5DL).

По всем изученным линейным параметрам зерновок ДТ линии 1BL, 2BL, 3AL, 3BL, 2DS, 7DS идентичны зуплоиду. Длина зерновок у ДТ 4BL (5,9 мм) и 5BL (6,0 мм) достоверно превышала величину зерна CS ( $5,4\pm0,08$  мм), а в 4-х линиях 7AL (4,4 мм), 7BL (4,8 мм), 5AL (5,0 мм), 5DL (5,0 мм) была снижена. Ширина зерен CS и большинства ДТ линий имела размер 2,9 мм и только ДТ 4AL, 6DL, 6BS были более узкими (2,5–2,6 мм). Наибольшее варьирование отметили по толщине зерновок: наибольший достоверный отрицательный эффект наблюдали в линиях 1AL (2,0 мм), 6AS (2,2 мм), 4BL (2,3 мм), 5BL (2,3 мм), 6BS (2,0 мм) и 6DL (2,2 мм) по сравнению с контролем ( $2,6\pm0,03$  мм).

Таким образом, промеры линейных параметров зерновок ДТ линий сорта CS свидетельствуют, что в их реализации принимают участие многие хромосомы генома мягкой пшеницы.

## A STUDY OF THE LINEAR PARAMETERS OF GRAIN IN DITELOSOMIC LINES OF CHINESE SPRING

Ermakova M.F., Popova R.K.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Aneuploid series for Chinese Spring, a cultivar developed by E.Sears (Sears, 1954), are widely used in genetic research into bread making qualities (Welsh, 1968; Shepherd, 1968; Maystrenko et al., 1973; Maystrenko, 1977; Barneix et al., 1998). The linear parameters of the grain are of importance for the milling industry. There is intrageneric polymorphism for grain size and shape in *Triticum* L. Besides, grain thickness is best indicative of its milling properties, and in the common wheat there is an immediate correlation between this index and endosperm content ( $r=0,99\pm0,061$ ) (Berkutova et al., 1977).

Analysis was performed on ditelosomic lines (DL) of the cultivar Chinese Spring (CS) for the linear parameters of the grain, namely length, width and thickness (mm), and the weight of 1000 grains (in grams) was studied, too. In each line, a sample of 25 grains in four field accessions was considered, with an euploid as the control.

As it was so noted, the grains look extremely different – elongated and shortened, narrow and broad, rugose and smooth.

The surface is yet another valuable trait for selection and technological purposes. Strong rugosity, which is an unwanted trait, is a feature of the grain of the DT lines of homoeologous group 2 and 6 chromosomes. Studying the character the weight of 1000 grains, eight lines (3AL, 5AL, 1BL, 2BL, 3BL, 2DS, 3DL, 7DS) did not differ significantly from the control ( $28,8\pm0,85$  g), in the other lines this index varies between 21,4 g (1DL) and 25,4 g (5DL).

With respect to all linear parameters of the grains, DT lines 1DL, 2BL, 3AL, 3BL, 3DL, 2DS, and 7DS are identical to the euploid. The grain length in the DT 4BL (5,9 mm) and 5AS (6,0 mm) was significantly more than the grain size CS (5,4±0,08 mm), and was reduced in four lines, namely 7AL (4,4 mm), 7DL (4,8 mm), 5AL (5,0 mm), and 5DL (5,0 mm). The grain width of CS and most of the DT lines was 2,9 mm in size, and only DT lines 4AL, 6DL, 6BS were much narrower (2,5–2,6 mm) with a high level of significance. The strongest variation was noted for grain thickness: the strongest negative effect was observed in 1AL (2,3 mm), 6AS (2,2 mm), 4BL (2,3 mm), 5BL (2,3 mm), 6BS (2,0 mm), and 6DL (2,2 mm) compared to the control ( $2,6\pm0,03$  mm).

Thus, measuring the grains of DT lines of the CS suggests that many common wheat chromosomes are involved.

## МЕЙОЗ У АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Хайленко Н.А.

Институт физиологии, генетики и биоинженерии растений, Алматы, Казахстан

Пшеница является одной из основных продовольственных культур Казахстана, поэтому задача создания новых высокоурожайных сортов всегда актуальна для республики. Для создания таких сортов наряду с другими используется метод отдаленной гибридизации растений, который также применяется и для создания аллоплазматических линий пшеницы. Однако, при отдаленной гибридизации растений наблюдается, как известно, высокая стерильность полученных гибридных растений – от F<sub>1</sub> до F<sub>10</sub>. Цель настоящего исследования – изучение процессов мейоза и конъюгации хромосом у растений аллоплазматических линий, гибридных и беккроссированных растений сортов Ленинградка и Саратовская-29 на 18 цитоплазмах видов и родов трибы *Triticeae* Dum. (F<sub>1</sub>–F<sub>10</sub>, BC<sub>1</sub>–BC<sub>17</sub>). Установлено, что во всех комбинациях скрещивания среди потомства наблюдается расщепление на стерильные и фертильные формы. Также установлено, что процессы мейоза у стерильных форм имеют все типы конъюгаций, характерных для межвидовых гибридов. В M<sub>1</sub> наиболее часто встречались конфигурации хромосом: 18II+6I, 18II+4I+1IV, 20II+2I, 20II+1IV, 21II+3I, причем часть бивалентов были открытыми; число унивалентов в клетке M<sub>1</sub> колебалось от 1 до 7, но не более; часто встречались три- и квадриваленты, а иногда и состояния из бивалентов разной конфигурации. В A<sub>1</sub> наблюдали отстающие хромосомы (1–2), хромосомные и хроматидные мосты, но не более 1–2 мостов на клетку, что совсем понятно, если учесть, что клетки M<sub>1</sub> имели очень сильные нарушения конъюгации хромосом. Диады и тетрады были с микроядрами, однако процент их был существенно ниже, чем ожидалось при таких M<sub>1</sub>. Все эти нарушения процессов мейоза имели место как в F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub>, так и в F<sub>8</sub>, BC<sub>8</sub>–BC<sub>17</sub>, а колебались лишь их процентные соотношения. Высказано предположение, что такие нарушения процессов мейоза у гибридных и беккроссированных растений и у аллоплазматических линий зависят не только от геномного состава и цитоплазм скрещиваемых форм, но также и от сложных ядерно-цитоплазматических взаимодействий как на клеточном уровне, так и на уровне целого растения.

## MEIOSIS IN ALLOPLASMATICAL LINES OF SPRING SOFT WHEAT

*Khailenko, N.A.*

Institute of plant physiology, genetics and bioengineering of National Centre on Biotechnology Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan

Wheat is one of the basic food culture of Kazakhstan, and therefore the problem of creation of new high-productivity cultivars is always actually for Republic. One of methods of creation these cultivars is the method of wild hybridization of plants, which is used too and for creation of alloplasmatical lines of wheat. However, at wild hybridization of plants are observed, as it is known, high sterility of received hybrid plants – from  $F_1$  to  $F_n$ . The purpose of present investigations was the study of the meiosis processes and conjugation of chromosomes to plants of alloplasmatical lines, hybrid and backcrosses plants of the cultivars Leningradka and Saratovskaya-29 on the 18 cytoplasms species and genus of the tribe Triticeae Dum. ( $F_1$ – $F_{10}$ ,  $BC_1$ – $BC_{17}$ ). It was established, that to all of crossing combinations between progenies were observed the segregation on the sterile and fertile forms. It was established too, that the meiosis processes for sterile forms has been all of typical breaches for interspecific hybrids. In M1 was observed most often following configurations of chromosomes: 18II + 6I, 18II + 4I + 1IV, 20II + 2I, 20II + 1IV, 21II + 2III, moreover part of bivalents was opened; quantity of univalents in the cell of M1 has been hesitate from 1 to 7, but not more than that; often it was observed three- and quadrivalents, and sometimes – forms from bivalents various configuration. In A1 was observed fall behind chromosomes (1–2); chromosomal and chromatid bridges, but not more than that 1–2 on the cell, that it isn't quite clearly, because cells of M1 has been such strong breaches of chromosome conjugation. Dyads and tetrads were with micronucleouses, however its percent were lower again, than it was expected under these M1. All of these breaches of the meiosis processes to take place both as in  $F_1$ ,  $BC_1$  and as in  $F_8$ ,  $BC_8$ – $BC_{17}$ , and only its percentage correlations were fluctuated. It was supposed, that these breaches of the meiosis processes to hybrid and backcrosses plants and alloplasmatical lines are depended not only to genomic composition and cytoplasms of crossed forms, but and compound of nucleous-cytoplasmatical interaction both as cell's level, and as on level of whole plant too.

## ЦИТОЛОГИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ СЕРИЙ МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

*Лайкова Л.И., Арбузова В.С., Ефремова Т.Т., Попова О.М., Майстренко О.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Для хромосомной локализации и картирования генов мягкой пшеницы широко используются анеуплоидные линии (Law, Worland, 1973; Arbuszova et al., 1996). Поддержание моносомных серий требует постоянного обновления семенного фонда путем периодического пересева, который сопровождается трудоемким цитологическим анализом выделения нужных форм. Необходимым условием при размножении анеуплоидных линий является проверка смены унивалента в моносомных линиях во избежание ошибок нумерации линий (Person, 1956), а также строгая изоляция колосьев.

В данной работе приводятся результаты цитологического анализа M1 мейоза M<sub>1</sub> самоопыленного потомства трех репродукций моносомных серий сортов Chinese Spring, Саратовская 29 и Диамант. Для сокращения цитологических работ на разных стадиях онтогенеза использовали различные фенотипические маркеры при выделении моносомных растений. При подборе семян к посеву выбирали зерновки с характерными для моносомиков «вмятинами». При цитологическом анализе в мейозе маркерами служили морфологические особенности отдельных хромосом – униваленты, характерные для всех изучаемых кариотипов (Гайдаленок, 1975). Многолетнее цитологическое изучение потомства моносомных растений показало высокую степень конъюгации и стабильный мейоз. В самоопыленном потомстве моносомиков преобладали растения с конфигурацией хромосом 20"+1' (65%–85%). Наряду с дисомными и нуллизомными растениями часть из них имела иную конфигурацию хромосом. Формирование 41- и 42- хромосомных растений с конфигурациями 19"+t1" 20"+t1" и 20+t" связаны как с потерей одной хромосомы или одного из плечей и образованием телоцентрической (t) хромосомы, так и с неправильным поперечным делением хромосомы унивалентов в зоне центромеры (misdivision). Редупликация телоцентрической хромосомы приводила к образованию изохромосомы (i)- 20"+i, 20"+2i, 20"+1i". В результате неправильного расхождения хромосом к полюсам формировались материнские гаметы с 19- и 22- хромосомами, функционирование которых приводило к образованию двойных моносомиков (19"+2') и трисомиков (21"+1'). У небольшой части растений возникали ассоциации из 3–4 хромосом, что, видимо, свидетельствует о реципрокных обменах между хромосомами. Наибольшее число aberrантных расхождений отмечали у сорта Саратовская 29 – 8%, тогда как у Диаманта и у Chinese Spring их было только 2,5% и 3,5%, соответственно, что, вероятно, связано с особенностями генотипической среды этих сортов. Частота возникновения misdivision также зависит от генотипической среды сорта: у Саратовской 29 она выше, чем у Диаманта. Проверка смены унивалентной и телоцентрической хромосом (t) у этих сортов показала отсутствие ее во всех линиях Диамант и Chinese Spring . У сорта Саратовская 29 отмечена смена t-хромосомы в дителосомной линии 7A. Таким образом, при вовлечении анеуплоидов в цитогенетические исследования необходим цитологический контроль за поведением унивалентной хромосомы в разных фазах мейоза, что имеет принципиальное значение при выявлении генетической роли отдельных хромосом.

**CYTOLOGICAL STUDIES OF THE MONOSOMIC SERIES  
OF COMMON WHEAT**

Laykova, L.I., Arbuzova, V.S., Efremova, T.T., Popova, O.M., Maystrenko, O.I.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Aneuploid lines are widely used for localising and mapping common wheat genes (Law, Worland, 1973; Arbuzova et al., 1996). The maintenance of monosomic series requires continual seed updating by re-sowing, which is accompanied by tedious cytological analysis for isolation of the target forms. To avoid incorrect line numbering in the course of breeding aneuploids (Person, 1956), it is required to check the monosomic lines for a univalent shift, and make sure spike insulation is flawless.

We report the results of a cytological analysis of M1 meiosis in mother pollen cells of the self-pollinated progeny of three reproductions of monosomic series of the cultivars Chinese Spring, Saratovskaya 29 and Diamant. To reduce the amount of cytological work at the earlier stages of ontogenesis, phenotypic markers were used in the isolation of monosomic plants. For sowing purposes, it was required of semolina to have "nicks" on, a typical feature of monosomics. The markers for the cytological analysis during meiosis were morphological features of separate univalent chromosomes typical of all karyotypes studied (Gaydalionok, 1975). Many years of cytological studies of the progeny of monosomic plants show a high degree of conjugation and steady meiosis. The most frequent plants to occur in the self-pollinated monosomic progeny were 20"+1' (65%-85%). There was more than disomic and nullisomic plants. The formation of 41- and 42-chromosome plants (19"+t1"+1', 20"+t1" and 20+t") is associated both with the loss of one chromosome or one of the chromosome arms and the formation of a telocentric chromosome (t), and with misdivision of the univalent chromosome in the centromer. Reduplication of a chromosome arm lead to the formation of the isochromosome (i), 20"+i, 20"+2i, 20"+1i". As a result of misdivergence, maternal gametes with 19 and 22 chromosomes were formed, and their functioning resulted in the formation of double monosomics (19"+2') and trisomics (21"+1'). In few plants, a 3-4 chromosome associations formed, which may indicate a reciprocal exchange between the chromosomes. The largest number of aberrant plants - 8% - were Saratovskaya 29, while Diamant and Chinese Spring 2,5 % and 3,5 %, respectively, which is probably because of the genotypic background of these cultivars. Misdivision frequency also depends on the genotypic background of any particular cultivar: it is higher in Saratovskaya 29 than in Diamant. A check for the univalent and telomeric chromosome (t) shift in these cultivars showed its absence from all Diamant and Chinese Spring lines. In Saratovskaya 29 a t-chromosome shift was revealed in ditelosomic line 7A. Thus, while aneuploids are being involved into cytogenetic studies, cytological control is required over the behaviour of the univalent chromosome at different phases of meiosis, which is critical when the question is: what is the genetic role of this or that chromosome?

## ХАРАКТЕРИСТИКА УСТЬЧНОГО АППАРАТА У МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ CHINESE SPRING

*Давыдов В.А.*

Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск, Россия

В работе, выполненной на моносомных линиях пшеницы Chinese Spring по всем хромосомам A, B и D-геномов, изучали влияние отсутствия отдельных хромосом на качественные характеристики устьичного аппарата: количество устьиц на 1 мм<sup>2</sup> площади листа, расстояние между устьицами в ряду, расстояние между устьичными дами, а также линейные размеры самих устьиц – их длина и ширина. Отпечатки с помощью мазка из растворенного в хлороформе органического стекла брали в начальной фазе колошения со средней части предфлагового листа. *Количество устьиц.* Наибольшее количество устьиц на верхней стороне листа оказалось у линий моно 2B – 51, 1A – 56,6, 6B – 55,9, 2A – 55,1, 6A – 55,1, а наименьшее – у линий моно 5A – 39,6, 1D – 39,7, 4D – 40,4, 3D – 41,7, 2D – 42,0, 7D – 43,1. На нижней стороне листовой пластины максимальное количество устьиц оказалось у линий моно 7B – 36,8, 6B – 32,6, 1B – 32,0, 3B – 31,0, 2B – 30,6, а минимальное – у линий моно 5A – 11,7, 3D – 16,2, 4D – 14,4B – 17,4, 7D – 17,6, 2D – 17,9, 5D – 18,4, 2A – 19,5. Если у моносомных линий по геномам A и B среднее количество устьиц на верхней стороне листа оказалось практически одинаковым (49 и 50 шт./мм<sup>2</sup>), то у моносомиков по геному D – 43 шт./мм<sup>2</sup>. На нижней стороне листа наибольшее их количество было обнаружено у моносомиков генома B – 28 шт., несколько меньшее у генома A – 24 шт. и минимальное количество – 18 шт./мм<sup>2</sup> в геноме D. *Длина и ширина устьиц.* На верхней стороне листа длина устьиц колебалась от 3,71 (линия моно 7A) до 5,44 мкм (линия 3D). Средняя величина этого признака по группам была достаточно близкой между собой и составляла от 4,49 до 4,83 мкм. По признаку «ширина устьиц» варьирование составило от 2,19 мкм (линия моно 6B) до 3,02 мкм (линия моно 4B). Среднее же значение этого признака по группам различалось в меньшей степени, чем по длине, и колебалось от 2,54 до 2,67 мкм. На нижней стороне листа самые короткие устьица обнаружены у линии моно 7A и равнялись 3,79 мкм, а самые длинные устьица у моно 4A – 5,62 мкм. Ширина устьиц на нижней стороне листа варьировала от 2,08 мкм (линия моно 6D) до 3,25 мкм (линия моно 3B). Однако средние значения по геномным группам были близки между собой и колебались от 2,51 до 2,67 мкм. Таким образом, представленный материал свидетельствует о том, что отсутствие некоторых хромосом в разных геномных группах во многих случаях влияет на качественные характеристики устьичного аппарата листа. При этом отсутствие генов одной хромосомы у линии моно 5A привело к уменьшению количества устьиц на верхней стороне листа на 28,9%, а на нижней – на 53,4% по сравнению с дисомной линией (контролем). Следующими по значимости следует выделить хромосомы 1D и 4D, отсутствие которых привело к уменьшению количества устьиц на 28,27,5% на верхней стороне и на 38,1 и 41,3% на нижней стороне листа. Нужно отметить, что отсутствие любой хромосомы из генома D приводит к существенному уменьшению количества устьиц по сравнению с геномами A и B. На линейные размеры устьиц наибольшее влияние оказало отсутствие генов одной хромосомы у моно 7A. Средняя длина устьиц у этой линии на верхней стороне листа оказалась на 21,9%, а на нижней – на 22,5% меньше, чем в контроле.

**CHARACTERIZATION OF THE STOMATAL APPARATUS  
IN MONOSOMIC LINES OF CHINESE SPRING WHEAT***Davydov, V.A.*

Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS, Irkutsk, Russia

The study was performed on monosomic lines of common wheat, variety Chinese Spring, for each chromosome of genomes A, B and D. The effect of the absence of individual chromosomes on quantitative characters of the stomatal apparatus (number of Stomata per mm<sup>2</sup> leaf area, distance between stomata in a row, distance between the rows, length and width of stomata) were investigated. Prints were taken from leaves by involving smears of chloroform-dissolved polymethyl methacrylate. The print were taken from of the middle part of the pre-flag leaf at the initial stage of earring. *Number of stomata.* Lines ms 2B – 57,3, 1A – 56,6, 6B – 55,9, 2A – 55,1, and 6A – 55,1 had the highest number on the upper leaf side; lines ms 5A – 39,6, 1D – 39,7, 4D – 40,4, 3D – 41,7, 2D – 42,0, and 7D – 43,1 had the lowest number. On the lower side of the blade, lines ms 7B – 36,8, 6B – 32,6, 1A – 32,0, 3B – 31,0, and 2B – 30,6 had the highest number of stomata; lines ms 5A – 11,7, 3D – 16,5, 4D – 16,5, 4B – 17,4, 7D – 17,6, 2D – 17,9, 5D – 18,4, and 2A – 19,5 had the lowest number. Generally, monosomics for genomes A and B differed little in the number of stomata on the upper leaf side (49 and 50 stomata per mm<sup>2</sup>), whereas in monosomics for genome D, this index was 43 stomata per mm<sup>2</sup>. As for the mean densities of stomata on the lower leaf side, the greatest value of this index was observed in monosomics for genome B (28), slightly less, for genome A (24), and the least, for genome D (18 stomata/mm<sup>2</sup>). *Stoma length and width.* On the upper leaf side, stoma length varied from 3,71 (line ms 7A) to 5,44 µm ms (3D). The values of this index averaged over the groups were close, from 4,49 to 4,83 µm. The character "stomata width" varied from 2,19 µm (line ms 6B) to 3,02 µm (4B). The value of this index averaged over the groups varied to a lesser extent than that of width – from 2,54 to 2,67 µm. On the lower leaf side, the shortest stomata were found in line ms 7A (3,79 µm) and the longest, in ms 4A (5,62 µm). Stoma width on the lower leaf side varied from 2,08 µm (ms 6D) to 3,25 µm (ms 3B). However, the values averaged over the genome groups were close, ranging from 2,51 to 2,67 µm. Thus, our results indicate that absence of some chromosomes from various genome groups often affects quantitative features of the stomatal apparatus of the leaf. As this takes place, the absence of genes of one chromosome from line ms 5A resulted in a significant decrease in the number of stomata on both the upper and the lower leaf side. The number of stomata on the upper side of the leaf blade in this line was 28,9% and on the lower, 53,4% of this index in the control disomic line. Chromosomes 1D and 4D are next in importance. Their absence caused a decrease in the number of stomata to 28,7 and 27,5% on the upper leaf side and to 8,1 and 41,3% on the lower side, with respect to the control. In general, absence of any chromosome from genome D causes a greater decrease in the number of stomata with respect to genomes A or B. Linear sizes of stomata were affected most by the absence of one chromosome from line ms 7A. The mean stoma length in this line was less than in the control by 21,9 and 22,5% on the upper and lower leaf sides respectively.

## ПОВЕДЕНИЕ УНИВАЛЕНТА ХРОМОСОМ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В МЕЙОЗЕ КАК ПРОЯВЛЕНИЕ ОСОБОЙ ОРГАНИЗАЦИИ КЛЕТОЧНОГО ДЕЛЕНИЯ

**Жарков Н.А.**

Сибирский НИИ сельского хозяйства, Омск, Россия

Проведен цитологический анализ поведения унивалента в анафазе I мейоза микроспороцитов у полной серии моносомных линий сорта мягкой яровой пшеницы Митурум 553. Выделены следующие три его типа: униполярный (редукционный), биллярный (эквационный) и аполярный. В целом по генотипу унивалентная хромосома 50 процентов случаев имела униполярный тип поведения. В остальных же 50 процентах всех проанализированных клеток (более 30 тыс.) она в отсутствии своего гомолога не в состоянии была перейти на иной тип ориентации и либо продолжала делить эквационно, либо утрачивала свою связь с полюсом (полюсами). Из этого следует (1). Хромосомы одной гомологичной пары в мейозе I имеют два различных механизма установления односторонней связи сестринских центромер с полюсом. (2). Способность к относительной автономности коориентации связи хромосом с полюсом (положение I) обладает один гаплоидный набор, в то время как второму гаплоидному набору для этого требуется наличие гомолога, т. е. бивалентное спаривание (положение II). Частота униполярной ориентации унивалента варьировала по линиям от 39,5% (4A) до 63,0% (2D). При этом хромосомы гомеологических групп достоверно различались между собой по данному признаку. Анализ ранжированного ряда и дальнейшие графические построения показывают, что отклонение частоты униполярного типа поведения унивалента от 50-процентной отметки является генетически обусловленным и связано с проявлением механизма, предотвращающего формирование мультивалентов в метафазе I мейоза. При пространственном разведении хромосом 1/16 части всех возможных событий возникает критическая ситуация, способствующая синапсису гомеологов. Ее устранение достигается путем замены участия одного гомолога на другой при коориентации связи хромосом с полюсом в положении I. Выше 50-процентной отметки смещение частот идет в пользу отцовского гомолога, ниже – в пользу материнского гомолога. Полученные экспериментальные данные о поведению унивалента в анафазе I мейоза и сделанные на их основе логические построения полностью подтверждаются результатами анализа метафазы I. Установлено, что проявление второго механизма, связанного с заменой гомологов при полюсной коориентации в положении I, контролируется хромосомами 1B, 3B и 6A. Последние оказываются одинаково эффективны как в двойной, так и в одинарной дозах.

---

## THE PATTERN OF SOFT WHEAT CHROMOSOME UNIVALENT MEIOTIC BEHAVIOR AS AN EXHIBITION OF THE SPECIAL CELL DIVISION ORGANIZATION

Zharkow, N.A.

Siberian Agricultural Research Institute, Omsk, Russia

Univalent behavior in meiotic anaphase I of microsporocytes was analyzed cytological in a complete series of soft spring wheat cultivar Milturum 553 monosomic lines. Three following behavior types were distinguished: unipolar (reductional), bipolar (equational) and apolar. Generally in this genotype the univalent chromosome had a unipolar behavior type in 50% cases. In the rest of all cells analyzed (over 30 thousand) it couldn't pass to another type of orientation without its homologue, and either continued to divide equationally, or forfeited its connection with the pole (poles). It means that: (1) Chromosomes of one homologue pair in meiosis I have two different mechanisms of creating one-way connection of sister centromeres with pole. (2) The ability of relatively autonomous co-orientation of chromosome-pole connection (position I) is inherent to one of haploid sets, while the other haploid set for that purpose needs presence of homologue, i.e. bivalent pairing (position II). The frequency of unipolar orientation of the univalent varied in lines from 39,5% (4A) to 63,0% (2D), chromosomes of homoeologous groups reliably differing in that feature. The ranged sequence analysis and ulterior graphic constructing show that deviation of univalent unipolar behavior frequency from 50% mark is genetically conditioned and reflects manifestation of mechanism, preventing multivalent formation in meiotic metaphase I. During the chromosome spatial distributing in 1/16 of all possible cases the critical situation arises, contributing to homeologue synapse. Its elimination is obtained through exchange of one homologue for the other, participating in co-orientation of chromosome-pole connection in position I. Above the 50% mark the frequencies shift goes in favor of the father homologue, under the mark – of the mother homologue. The experimental data on univalent behavior in meiotic anaphase I and corresponding logical interpretation is wholly confirmed by results of metaphase I analysis. It is detected that manifestation of the second mechanism, connected with homologue exchange at polar co-orientation in position I, is controlled by chromosomes 1B, 3B and 6A. The last appeared equally effective both in double and singular doses.

## РАЗЛИЧНЫЕ ЧАСТОТЫ ПЕРЕДАЧИ ГОМЕОЛОГИЧНЫХ УНИВАЛЕНТНЫХ ХРОМОСОМ 5R, 5A И 5D ЧЕРЕЗ ГАМЕТЫ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ДИ-МОНОСОМИКОВ

*Силкова О.Г., Щапова А.И.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Эффективная реконструкция геномов злаков требует разработки новых способов направляемого получения чужеродных замещенных линий. При проведении цитогенетических исследований чужеродно-замещенных форм, установлено, что межгеномные замещения по разным хромосомам происходят с различной частотой. Причины этого явления не выяснены. Для решения этой проблемы необходимо выявить факторы, определяющие механизм замещения. С этой целью, в качестве решения одной из задач, нами был установлен характер передачи унивалентных хромосом через гаметы анеуплоидных форм.

Материалом для исследования служили пшенично-ржаные ди-моносомики с разным набором хромосом ржи и пшеницы (5A–5R, 5D–5R, 5A–5D). Эти линии представляют собой F<sub>1</sub> гибрыдов, полученных в результате скрещивания пшенично-ржаных замещенных линий *Triticum aestivum* L. сорт Саратовская 29  $\times$  *Secale cereale* L. сорт Онохойская [5R(5A) и 5R(5D)] с родным сортом пшеницы Саратовская 29 и от скрещивания друг с другом. Хромосома ржи в обеих линиях идентична. Передача унивалентных хромосом 5A, 5D и 5R через гаметы анеуплоидных форм изучена по их частоте в F<sub>2</sub> гибридов, полученных при самоопылении ди-моносомиков.

Анализ потомства пшенично-ржаных ди-моносомиков показал, что униваленты различаются по их частоте передачи через гаметы. Так, у ди-моно 5A–5R унивалентная хромосома ржи передавалась через 27,71% гамет, унивалентная хромосома пшеницы 5A передавалась через 54,22% гамет. У пшенично-ржаного ди-моно 5A–5D хромосома 5A передавалась через 17,2% гамет, а хромосома 5D – через 68,18% гамет. Эти исследования показали, что унивалентные хромосомы, принадлежащие различным геномам пшеницы и ржи, отличаются по их частоте передачи через гаметы анеуплоидных форм при одинаковых и различных генотипических линиях. Например, хромосома пшеницы 5A у ди-моносомика 5A–5R передавалась через 54,22% гамет, в то время как эта же хромосома ди-моносомика 5A–5D передавалась только через 17,27% гамет, т.е. в 3 раза реже.

Согласно полученным данным по частоте передачи унивалентных хромосом через материнские + отцовские гаметы ди-моносомиков, нами был произведен расчет теоретически ожидаемых частот гамет с разным набором хромосом 5A, 5D и 5R, передающихся отдельно че- мегаспоры и пыльцу. Оказалось, что две негомологичные унивалентные хромосомы одного же ди-моносомика передаются с разной частотой как через материнские, так и через отцовские гаметы.

Эти различия определяют характер их замещений в последующих поколениях. Так, в потомстве ди-моно 5R–5A, хромосома 5A заместила хромосому 5R в 28,91% случаев и только в 9,6% случаев, наоборот, хромосома 5R заместила хромосому 5A. Оказалось, что процесс стабилизации кариотипов в потомстве этого анеуплоида направлен в основном на формирование 42-хромосомной пшеницы. У пшенично-ржаных ди-моно 5A–5D, содержащих пару гомологичных хромосом ржи 5R, процесс стабилизации пошел на формирование пшенично-ржаных замещенных линий 5R(5A): так, 42,73% растений были с замещением 5R(5A), и только 0,91% – 5R(5D).

## THE DIFFERENT TRANSMISSION RATES OF HOMOEOLOGOUS UNIVALENT CHROMOSOMES 5R, 5A AND 5D VIA GAMETES OF THE WHEAT-RYE DI-MONOSOMICS

Sil'kova, O.G., Shchapova, A.I.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

The effective reconstruction of cereal genomes requires development of new ways of the directed obtaining of the alien substitution lines. There is established after cytogenetic researches of lines with alien chromosome substitutions that intergenomic substitutions on different chromosomes occur with various frequencies. The reasons of this phenomenon are not found out. For the solving of this problem, it is necessary to reveal the factors determining the mechanism of replacement. With this purpose, we have established the character of univalent chromosomes transfer through gamets of aneuploid forms.

Wheat-rye di-monosomics with different complements of wheat-rye chromosomes (5A-5R, 5D-5R, 5A-5D) were used for analysis. These lines were F<sub>1</sub> hybrids obtained by crossing wheat-rye substitution lines *Triticum aestivum* L. (cv. Saratovskaya 29)/*Secale cereale* L. (cv. Onokhoiskaya) [5R(5A) and 5R(5D)] to the initial wheat cultivar Saratovskaya 29 and by crossing substitution lines 5R(5D) × 5R(5A) to each other. The rye chromosome 5R was identical in both lines.

Transmission of univalents 5A, 5D and 5R through gametes of aneuploid forms was estimated by their frequencies in F<sub>2</sub> of hybrids obtained by self-pollination of the di-monosomics.

Analysis of progeny of wheat-rye di-monosomics showed that their univalents differed in transmission frequencies via gametes. Thus, in 5A-5R di-monosomic, the univalent rye chromosome 5R was transmitted through 27,71% gametes, wheat univalent chromosome 5A was transmitted via 54,22% gametes. In wheat-rye di-monosomic 5A-5D, the univalent chromosome was transmitted via 17,27% gamete, and another univalent chromosome 5D was found in 68,18% gametes. These studies showed that univalents of various wheat and rye genomes differed in the transmission rate via gametes of aneuploid forms, both under similar or divergent genotypic environment. For example, wheat chromosome 5A in 5A-5R di-monosomic was transmitted via 54,22% gametes, while the same chromosome in 5A-5D di-monosomic, only through 17,27% gametes, namely, three times more rarely.

Using our data on the transmission rate of univalent chromosomes via maternal+paternal gametes of di-monosomics, we estimated the expected frequencies of gametes with different complements of chromosomes 5A, 5D, and 5R transmitted separately through male and female gametes. It was demonstrated that two different homoeologous univalent chromosomes of the same di-monosomic are transmitted via maternal and paternal gametes with different rates.

These differences determine the type of their substitutions in subsequent generations. Thus, in the progeny of di-monosomic 5R-5A, chromosome 5A replaced chromosome 5R in 28,91% instances, and only in 9,64% of instances; conversely, chromosome 5R substituted chromosome 5A. It turned out that the process of karyotype stabilization in the progeny of this aneuploid was mainly directed toward the formation of 42-chromosome wheat. In wheat-rye di-monosomics 5A-5D containing a pair of rye homologous chromosomes 5R, the stabilization led to the formation of 5R(5A) substitution lines: thus, 42,73% of plants carried the substitution 5R(5A), and only 0,91% of plants had the substitution 5R(5D).

**Секция 2 / Session 2****ЦИТОЛОГИЧЕСКИЕ МЕХАНИЗМЫ МЕЙОТИЧЕСКОЙ  
РЕСТИТУЦИИ У ПОЛИГАПЛОИДОВ**

*Потапова Т.А., Щапова А.И.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Изучение мейотического деления индивидуально по растениям позволило вскрыть особенности поведения хромосом у межродовых гибридов злаков. У пшенично-пырейных и пшенично-ржаных полигаплоидов обнаружено шесть цитоаномалий, приводящих к формированию реституционных ядер в мейозе. У большинства полигаплоидов причиной реституции были нарушения в расхождении хромосом в первом делении мейоза – FDR (first division restitution). Обнаружены две цитоаномалии FDR: нерасхождение хромосом к полюсам и резко неравное распределение хромосом между полюсами в анафазе первого деления мейоза. В результате после первого деления формировались соответственно монады и резко асимметричные клетки диад, а после второго деления диады и асимметричные клетки тетрад, содержащие нередуцированное число и набор хромосом исходного гибрида.

У двух пшенично-пырейных полигаплоидов образование реституционных ядер происходило в следствие отсутствия расхождения хромосом в мейозе – DR (double restitution). Однако цитологические картины DR различны. У одного гибрида мейоз заблокирован в профазе первого деления, у другого наблюдали одно первое деление, а расхождение хромосом в анафазе не происходило. В результате формировались монады, содержащие полный набор хромосом гибрида.

В двух цитоаномалиях, приводящих к реституции, отсутствовало второе деление мейоза – SDR (second division restitution). Поведение хромосом в первом делении у них было различным. В одном случае униваленты случайно отходили к полюсам не делясь на хроматиды, при этом формировались диады с нередуцированным числом, но с редуцированным набором хромосом. Во втором случае униваленты делились эквационно, поэтому диады содержали полный набор хромосом исходного гибрида.

Полигаплоиды, у которых нерасхождение хромосом произошло вследствие FDR, DR и SDR с эквационным делением унивалентов, формировали жизнеспособные гаметы. Полигаплоиды, содержащие аномалию SDR с редукционным типом деления унивалентов, формировали стерильную пыльцу. Случайное распределение унивалентов между полюсами в анафазе I приводило к несбалансированности гамет по набору хромосом и как следствие этого к их нефункциональности. Высокая частота клеток с реституционными ядрами, идентичность цитологических картин в разные годы вегетации указывают на генетический контроль этого признака. Степень выраженности признака зависела от генотипа гибридного растения, поскольку между гибридами были обнаружены достоверные различия.

## CYTOGENETIC MECHANISMS OF MEIOTIC RESTITUTION IN POILYHAPLOIDS

*Potapova, T.A., Shchapova, A.I.*

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Study of meiotic division in individual plants have given the possibility to reveal the features of chromosome behavior in intergeneric hybrids of cereals. Seven cytological abnormalities have been found in wheat-coach-grass and wheat-rye polyhaploids, which cause the restitution nuclei formation in meiosis. In most polyhaploids the cause of restitution was the violations in chromosome disjunction during the first meiotic division – FDR (first division restitution). Two FDR abnormalities have been found: non-disjunction of chromosomes to pole and sharply unequal distribution of chromosomes between poles in anaphase I. As a result, after the first division the monades and sharply asymmetric tetrads were formed, correspondingly; and after the second division – diades and asymmetric tetrads, containing unreduced number and set of chromosomes of initial hybrid.

In two wheat-coach-grass polyhaploids the forming of restitution nuclei resulted from chromosome disjunction in meiosis – DR (double restitution). But the cytological picture in DR were different. In one hybrid meiosis was blocked in prophase I, in another – the first division was observed but disjunction of chromosomes in anaphase was absent. As a result, the monades were formed, containing the full set of hybrid's chromosome set.

In two cytological abnormalities leading to restitution, the second meiotic division – SDR (second division restitution) was absent. The univalents behavior in the first division was different. In one case the univalents moved away to poles by chance, without division on chromatides; the diades formed in this case, having the unreduced number but reduced set of chromosomes. In another, univalents divided equationally, and so, the diades had the full set of chromosomes from initial hybrid.

Polyhaploids, in which chromosomes non-disjunction was a consequence of FDR, DR or SDR with equational univalents division formed the viable gametes. Polyhaploids, containing SDR abnormality with reduction type of univalents division formed sterile pollen. Accidental distribution of univalents between poles in anaphase I resulted in chromosome set disbalance in gametes and, consequently, in their non-fertility. The high frequency of cells with restitution nuclei and identity of cytological pictures in different years of vegetation show on genetic control of this character. The degree of character expression depended upon genotype of hybrid plant because the significant differences have been found among hybrids.

**ОСОБЕННОСТИ СТАБИЛИЗАЦИИ МЕЙОЗА  
В САМООПЫЛЕННЫХ БЕККРОССНЫХ ГЕНЕРАЦИЯХ  
ЭГИЛОПСНО-РЖАНО-ПШЕНИЧНОГО ГИБРИДА**

Сечняк А.Л.

Селекционно-генетический институт УААН, Одесса, Украина

Эгилопсно-ржаной амфидиплоид AD (*squarrosa* × *cereale*) был создан как мостовая форма для передачи признаков устойчивости к фитопатогенам и абиотическим факторам от *Ae.squarrosa* и ржи к мягкой пшенице. Эгилопсно-ржано-пшеничные гибриды характеризовались низким уровнем коньюгации хромосом. В BC<sub>1</sub> уровень коньюгации резко увеличился, в BC<sub>2</sub> продолжился его рост, качественно изменился характер коньюгации – возросла доля закрытых бивалентов. Увеличилось число мультивалентов и расширился их спектр, что свидетельствует о накоплении межгеномных транслокаций. Частота нормальных тетрад у растений BC<sub>1</sub> и BC<sub>2</sub> достигала 8,0% и 26,0% соответственно. Это явилось результатом нормализации бивалентной коньюгации хромосом. Стабилизация мейоза привела к улучшению скрещиваемости при проведении BC<sub>2</sub> и BC<sub>3</sub>. Анализ количества хромосом у растений разных генераций показал, что при самоопылении после BC<sub>2</sub> происходила стабилизация популяции на фоне большого разнообразия цитотипов, среди которых возможен отбор дополненных линий. В BC<sub>3</sub> преобладали 42- и 44-хромосомные растения. Сравнение регулярности мейотических процессов в BC<sub>3</sub> и BC<sub>2</sub>I<sub>1</sub> показало, что как в MI, так и на стадии тетрад поколение BC<sub>2</sub>I<sub>1</sub> оказалось более вариабельным, чем BC<sub>3</sub>. Это позволило сделать вывод, что самоопыленные после двух или трех беккроссов потомства пшенично-ржаных гибридов более перспективны для выделения цитологически стабильных линий пшеницы с чужеродной интрогрессией путем гибридизации пшеницы с эгилопсно-ржаным амфидиплоидом, чем при продолжении беккроссов. В генерациях BC<sub>2</sub>I<sub>1-5</sub> наблюдалась тенденция к сохранению дополнительных хромосом, в BC<sub>3</sub>I<sub>1-4</sub> стабилизация популяции происходила на зуплоидном уровне. Это подтвердило и изучение мейоза в соответствующих поколениях. Анализ мейотических фигур в 42-хромосомных растениях BC<sub>2</sub>I<sub>2</sub> и BC<sub>3</sub>I<sub>1</sub> показал, что в генерациях на основе BC<sub>2</sub> сохраняется больше модифицированных хромосом (с транслокациями), чем у потомства на основе BC<sub>3</sub>. В генерации BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> уровень бивалентной коньюгации был выше, чем в BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub>. Это нашло отражение и в уровне удельной коньюгации – 0,94±0,003 и 0,90±0,003 точек хромосомной ассоциации (тха)/хромосому соответственно. Межгеномная коньюгация в BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> также имела более высокий уровень, чем в BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub>, о чем свидетельствуют более высокие показатели количества гетероморфных бивалентов и тха/мультивалент. Вместе с данными, свидетельствующими о большем разнообразии соматических цитотипов, это позволяет надеяться на более эффективную передачу желаемых признаков в генерациях на основе BC<sub>2</sub>. Кроме того, переход к самоопылению на более ранней генерации позволил быстрее стабилизировать мейоз в этих популяциях. По предварительным данным морозоустойчивость семей BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> была лучше, чем BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub>. В обеих группах выделены семена с различной степенью устойчивости к мучнистой росе, с крупным, хорошо выполненным зерном. Генерации BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> оказались более гетерогенными по срокам созревания.

## THE FEATURE OF THE MEIOSIS STABILISATION IN THE SELF-POLLINATED BACKCROSS GENERATIONS OF THE AEGILOPS-RYE-WHEAT HYBRID

Sechnyak, A.L.

Plant Breading and Genetic Institute UAAS, Odessa, Ukraine

The *Aegilops*-rye amphidiploid AD (*Ae.squarrosa* × *S.cereale*) was created as a "bridge" form for the transmission of signs of the resistance to phytopathogens and abiotic factors from *Ae.squarrosa* and rye to bread wheat. The *Aegilops*-rye-wheat hybrids were characterized by a low level of chromosome pairing. In BC<sub>1</sub> the pairing level had enlarged sharply, in BC<sub>2</sub> its growing has continued, the pairing trait has changed in quality – the quota of the ring bivalents increased. The multivalent number and their spectrum has increased, that indicated the accumulation of the intergenomic translocations. The frequency of the normal tetrads in the BC<sub>1</sub> and BC<sub>2</sub> plants reached 8,0% and 26,0%, correspondingly. This was the result of normalization of bivalent chromosome pairing. The meiotic stabilization has brought to crossability improvement at carrying out the BC<sub>2</sub> and BC<sub>3</sub>. The analysis of the chromosome number in the plants from different generations has shown that at the self-pollination after BC<sub>2</sub> the stabilization of the population on the background of broad range of cytotypes occurred, amongst which the selection of the addition lines was possible. In BC<sub>3</sub> 42- and 44-chromosome plants dominated. The comparison of the meiotic processes regularity in BC<sub>3</sub> and BC<sub>2</sub>I<sub>1</sub> has shown that both in MI, and on the stage of tetrads the BC<sub>2</sub>I<sub>1</sub> generation was found to be more variable, than BC<sub>3</sub> one. This allowed to draw a conclusion, that self-pollinated progenies in two or three back-crosses of the wheat-rye hybrids were more perspective for picking out the cytologically stable lines of the wheat with alien introgression by means of hybridization between the wheat and *Aegilops*-rye amphidiploid, than continuation of back-crosses. The tendency of maintenance of the additional chromosomes was observed in BC<sub>2</sub>I<sub>1-5</sub> generations, in BC<sub>3</sub>I<sub>1-4</sub> stabilization of the population occurred on the euploid level. Study of the meiosis in according generations has confirmed it. The analysis of the meiotic figures in 42-chromosome BC<sub>2</sub>I<sub>2</sub> and BC<sub>3</sub>I<sub>1</sub> plants has shown that in generations based on the BC<sub>2</sub> the modified chromosomes (with translocations) were kept better, than in the progenies based on BC<sub>3</sub>. In BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> generations the level of the bivalent chromosome pairing was higher, than in BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub>. This has reflected in the specific pairing level – 0,94±0,003 and 0,90±0,003 points of chromosome associations (pca) per chromosome, accordingly. The intergenomic pairing in BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> also had a higher level, than in BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub>. The higher amount of the heteromorphic bivalents and pca per multivalent witnessed about it. Together with the evidence of greater variety of the somatic cytotypes, this allows to hope on more efficient transfer of desired signs in generations based on BC<sub>2</sub>. Besides, transition to the self-pollination in the earlier generations has permitted to stabilize meiosis more rapidly in these populations. According to the preliminary data frost resistance of the BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> families was better, than of BC<sub>3</sub>I<sub>2</sub> ones. In both groups the families with different resistance rates to powdery mildew and with large, full grain were chosen. The BC<sub>2</sub>I<sub>3</sub> generations turned out to be more heterogeneous on the terms of maturation.

# ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ИНТРОГРЕССИВНОЙ ГИБРИДИЗАЦИИ *HAUNATRICUM* С МЯГКОЙ ПШЕНИЦЕЙ

*Прокопович Е.Л., Сечняк А.Л.*

Селекционно-генетический институт УААН, Одесса, Украина

Привлечение генетических ресурсов диких сородичей пшеницы затруднено из-за действия диплоидизирующей системы пшеницы, препятствующей гомеологичной конъюгации хромосом. Изучение мейотических процессов у реципрокных гибридов между *Haunatricum* и мягкой пшеницей позволило установить, что при использовании *Haunatricum* как отцовской формы можно стимулировать конъюгацию между хромосомами *T.aestivum* и *T.dicoccum* и, возможно, *H.villosa*. При использовании *Haunatricum* в качестве материнской формы обнаружена дифференциация пшеничных генотипов по способности влиять на гомеологичную конъюгацию хромосом (Тоцкий, Прокопович, Сечняк, 1999). В скрещиваниях мягкая пшеница × *Haunatricum* было использовано только два сорта пшеницы. Поэтому мы расширили ее сортамент, чтобы изучить возможность влияния пшеничного генотипа на конъюгацию хромосом в этом направлении скрещиваний. Были использованы 6 сортов озимой мягкой пшеницы селекции СГИ: Красуня Одесская, Вымпел Одесский, Юннат Одесский, Фантазия Одесская, Одесская полукарликовая и Одесская 267. Уровень конъюгации колебался от 0,46 (в комбинации Красуня × *Haunatricum*) до 0,52 (в комбинации Одесская полукарликовая × *Haunatricum*) точек хромосомной ассоциации на хромосому. Остальные комбинации занимали промежуточное положение. В комбинации Одесская полукарликовая × *Haunatricum* наблюдалась наибольшая степень нормализации бивалентной конъюгации ( $12,8 \pm 0,1$  бивалентов на МКП, доля открытых бивалентов составляла 33,9% от общего числа бивалентов), количество мультивалентов на МКП было наименьшим –  $0,27 \pm 0,05$ . В комбинации Красуня × *Haunatricum*, напротив, несмотря на падение уровня конъюгации, обусловленное снижением уровня бивалентной конъюгации ( $11,2 \pm 0,2$  бивалентов на МКП, доля открытых бивалентов при этом возросла до 44,6%), наблюдается значительное увеличение частоты мультивалентов ( $0,77 \pm 0,09$ ), сопоставимое с количеством мультивалентов, которое мы ранее наблюдали в комбинации с участием *Chinese Spring* (*ph1b*) –  $0,94 \pm 0,06$  мультивалентов на МКП. Комбинации с участием остальных сортов распределялись между комбинациями с крайними значениями. Таким образом, становится очевидным, что в зависимости от пшеничного генотипа гомеологичная конъюгация либо возрастает (увеличение количества мультивалентов указывает на это), либо уменьшается (более регулярная бивалентная конъюгация свидетельствует об этом). То есть, и при использовании *Haunatricum* в качестве отцовской формы имеет место дифференциация сортов пшеницы по способности влиять на гомеологичную конъюгацию хромосом, что следует учитывать при подборе компонентов скрещиваний.

**CYTOLOGICAL ASPECTS OF INTROGRESSIVE CROSS BETWEEN  
*HAYNATRICUM* AND BREAD WHEAT**

Prokopovich, E.L., Sechnyak, A.L.

Plant Breading and Genetic Institute UAAS, Odessa, Ukraine

The use of genetic resources of wild wheat relatives is hampered by diploidization wheat system, which impedes homoeologous pairing. The study of meiotic processes in reciprocal *Haynaticum* × bread wheat hybrids showed that *Haynaticum* as a male parent stimulates chromosome pairing between *T.aestivum* and *T.dicoccum* and, possibly, *H.villosa* chromosomes. When *Haynaticum* is taken as a female parent it was found that wheat genotypes can differently influence homoeologous chromosome pairing (Totsky, Procopovich, Sechnyak, 1999). But only two wheat strains were used in bread wheat × *Haynaticum* crosses. That is why we have broadened the strain spectrum to study the possibility of wheat genotype influence in this cross direction. Six winter bread wheat genotypes created in our institute were used: Krasunya Odesskaya, Vypel Odessky, Yunnat Odessky, Fantasia Odesskaya, Odesskaya polukarlikovaya, Odesskaya 267. Pairing level ranged from 0,46 (Krasunya × *Haynaticum*) to 0,52 (Odesskaya polukarlikovaya × *Haynaticum*) points of chromosome associations per chromosome. In the other cross combinations the indices were intermediate. The maximally normal bivalent pairing level was observed in Odesskaya polukarlikovaya × *Haynaticum* ( $12,8 \pm 0,1$  bivalents per PMC and the share of rod bivalents was 33,9% from total bivalent number), the number multivalents per PMC was minimal –  $0,27 \pm 0,05$ . In Krasunya × *Haynaticum* cross significant increase of multivalent number was observed ( $0,77 \pm 0,09$ ), which was comparable with those in cross Chinese Spring (*ph1b*) –  $0,94 \pm 0,06$  multivalents per PMC in spite of pairing level diminution due to the bivalent pairing level decrease ( $11,2 \pm 0,2$  bivalents per PMC and the share of rod bivalents increased to 44,6%). Corresponding values of other crosses were between extreme values. Thus, it becomes obvious that depending on wheat strain, homoeologous pairing either increase (it evidence the multivalent number increasing) or decrease (more regular bivalent chromosome pairing witness about it). That is, when *Haynaticum* is used as a male form, differentiation in ability to effect homoeologous pairing takes place in wheat strains; the last should be taken into account in search of cross partners.

**ИЗУЧЕНИЕ ОДНОЛЕТНИХ И МНОГОЛЕТНИХ ГИБРИДОВ  
*TRITICUM AESTIVUM / THINOPYRUM INTERMEDIUM***

*Кравченко А.Ю., Орлова А.М.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Отдаленная гибридизация пшеницы (*Triticum L.*) с дикорастущими представителями трибы Пшенициевых в настоящее время широко применяется для изучения филогенетических связей в трибе, а также для целей практической селекции. Дикорастущий вид пырея *Thinopyrum intermedium* (Host) Barkworth & D.R.Dewey ( $2n=6x=42$ ,  $E_1E_1E_2E_2XX$ ) характеризуется рядом ценных признаков, которые могут быть использованы для улучшения пшеницы: многолетний тип развития, устойчивость к неблагоприятным факторам среды, болезням и вредителям.

Цель данного исследования – изучение гибридов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum L.*) с *Thinopyrum intermedium* и выделение среди них многолетних форм. Гибриды  $F_1$ , полученные от опыления трех сортов мягкой озимой пшеницы (Безостая 1, Кавказ, Аврора) пыльцой двух растений (N14 и N28) *Thinopyrum intermedium* восточно-казахстанской популяции, беккроссировали пшеницей (использовали сорта Безостая 1, Дербентская Юбилейная, Мироновская 808). В данном сообщении представлены результаты изучения 40 линий поколения  $BC_1F_3$  от 5 комбинаций скрещивания.

По морфологическим признакам колоса мы выделили три группы линий: пшеничного типа (8 линий), промежуточного (22 линии) и пырейного (10 линий). Фертильность гибридов сильно варьировала: в первой группе она составила в среднем 19,1 зерен в колосе, во второй – 10,3, в третьей – 2,7. При цитологическом анализе установлено, что во всех группах большинство линий представлены октоплоидными растениями ( $2n=8x=56$ ), в пшеничной группе только 2 линии имели 42 хромосомы, а в одной из линий промежуточной группы наряду с эуплоидными обнаружены анеуплоидные растения с 53 и 55 хромосомами. Среди 56-хромосомных линий, происходящих от одной и той же комбинации скрещивания, наблюдались значительные различия по озерненности и морфологии колоса, линии от 3 комбинаций были представлены во всех трех группах. Учитывая тот факт, что в каждой комбинации в качестве отцовского родителя использовано только одно растение пырея и влияние возможного полиморфизма на характеристики гибридов отсутствовало, можно сделать вывод о том, что наблюдаемые различия между линиями обусловлены различным хромосомным составом пырейного генома у 56-хромосомных амфидиплоидов. Эти данные согласуются с результатами исследований американских цитогенетиков, которые при изучении октоплоидных пшенично-пырейных гибридов другого происхождения установили, что в комбинированый пырейный геном входят хромосомы всех трех геномов *Thinopyrum intermedium* ( $E_1E_2X$ ) (Xin Z.Y. et al., 1988; Banks P.M. et al., 1992).

Среди 40 изученных линий выделены 6, которые характеризовались хорошим послеворочным отрастанием. Все они октоплоиды и имели промежуточный тип колоса. Данные линии представляют собой ценный материал для изучения генетического контроля признака многолетности.

**STUDIES ON ANNUAL AND PERENNIAL *TRITICUM AESTIVUM / THINOPYRUM INTERMEDIUM* DERIVATIVES**

Kravtchenko, A.Y., Orlova, A.M.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Distant hybridization of wheat (*Triticum L.*) with wild representatives of tribe *Triticeae* at present is widely applied to study phylogenetic relationships in the tribe as well as for the purposes of practical selection. The wild wheatgrass species *Thinopyrum intermedium* (Host.) Barkworth & D.R.Dewey ( $2n=6x=42$ ,  $E_1E_1E_2E_2XX$ ) is characterized by a number of valuable traits that can be used for wheat improvement – perennial type of development, resistance to adverse environmental factors, diseases and pests.

The purpose of the present research was studying hybrids of common wheat (*Triticum aestivum L.*) with *Thinopyrum intermedium* and isolation of perennial forms among them.  $F_1$  hybrids, obtained from pollination of 3 common wheat varieties (Bezostaya 1, Kavkaz, Avrora) with pollen of two *Thinopyrum intermedium* plants (N14 and N28) from the East Kazakhstan population, were backcrossed by wheat varieties Bezostaya 1, Derbentskaya Yubilejnaya, Mironovskaya 808. In this report results of studying 40 lines of  $BC_1F_3$  generation from 5 cross-combinations are present.

For morphological traits of the head we isolated three groups of lines: of wheat (8 lines), intermediate (22 lines) and wheatgrass type (10 lines). The fertility of the hybrids greatly varied, in the first group it was amounted 19,1 grains per head, in the second – 10,3, in the third – 2,7. In cytological analysis it was established by us that most lines in all groups were represented by octoploid plants ( $2n=8x=56$ ), in the wheat group only 2 lines had 42 chromosomes and in one of the intermediate group lines along with euploids aneuploid plants with 53 and 55 chromosomes were found. Among 56-chromosome lines derived from the same cross-combination, considerable differences in head seed set and morphology were observed, lines from 3 combinations were represented in all three groups. Taking into account the fact that in each combination as the paternal parent the same wheatgrass plant was used and the influence of a possible polymorphism on the hybrid characteristics was absent, one can draw the conclusion that the observed differences between the lines were conditioned by a different chromosome composition of wheatgrass genome in the 56-chromosome amphidiploids. These data are in conformity with the results of American cytogeneticists' research who when studying octoploid wheat-wheatgrass hybrids of a different origin established that the combined wheatgrass genome includes chromosomes of all three *Thinopyrum intermedium* genomes ( $E_1E_2X$ ) (Xin Z.Y. et al., 1988; Banks P.M. et al., 1992).

Among the 40 studied lines 6 ones were characterized by good post-harvest re-growth, all they were octoploids and had the intermediate type of the head. These lines are valuable material to study the genetic control of perenniability.

## ОСОБЕННОСТИ АНДРОГЕНЕЗА У ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ

*Добровольская О.Б., Першина Л.А., Кравцова Л.А., Щапова А.И.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

На особенности андрогенеза *in vitro* оказывают влияние генотипические факторы и условия культивирования. С использованием дополненных и замещенных линий пшеницы выявляют роль отдельных хромосом ржи в данном процессе. В этом отношении наиболее хорошо изучено влияние 1R хромосомы. Показано, что 1R хромосома в зависимости от генотипической среды может увеличивать частоту образования эмбриоидов в культуре пыльников. Данные относительно вклада других хромосом ржи на процессы андрогенеза неоднозначны. Цель данной работы – изучить влияние хромосом ржи на показатели андрогенеза *in vitro* в одной генотипической среде. В работе использованы шесть пшенично-ржаных замещенных линий, у которых отдельные пары хромосом линии пшеницы сорта Саратовская 29 замещены гомеологичными парами хромосом ржи сорта Онохойская: 1R(1A); 2R(2D); 3R; 5R(5D); 6R(6A); 7R (Кравцова, 1983). В качестве контроля использованы линии пшеницы сорта Саратовская 29 и тритикале (Саратовская 29 × Онохойская; 2n=56). После холодовой предобработки колосьев в течение 5–9 дней при температуре +5°C пыльники в стадии одноядерной пыльцы культивировали на агаризованной среде РII с разной концентрацией 2,4-Д (от 0 до 1 мг/л) при +29°C. Развившиеся эмбриоиды культивировали на среде Гамборга В-5 без фитогормонов или с добавлением кинетина и АНУ (по 0,25 мг/л). Эффективность андрогенеза оценивали: по частоте пыльников, образовавших эмбриоиды; частоте эмбриоидов на 100 пыльников; частоте растений-регенерантов на 100 эмбриоидов; проценту зеленых регенерантов от общего числа растений. Установлено, что независимо от уровня 2,4-Д в инициальной среде, у линии с 1R замещением частота образования эмбриоидов достоверно выше, чем у других генотипов. Частота образования зеленых растений у этой линии зависит от концентрации 2,4-Д в инициальной среде, но не зависит от содержания фитогормонов в регенерационной среде. У замещенных линий по 3R, 6R и 7R выявлена зависимость частоты образования эмбриоидов и регенерировавших растений от концентрации 2,4-Д в среде. Для линии с замещением по 7R хромосоме обнаружена зависимость показателей андрогенеза от концентрации 2,4-Д в среде. Во всех экспериментах линия с 5R замещением не проявила способности к андрогенезу. Предполагается, что различная реакция замещенных линий по показателям андрогенеза на условия культивирования обусловлена различным содержанием эндогенных фитогормонов в пыльниках. Обсуждаются вопросы генетического контроля признаков андрогенеза, обусловленный влиянием хромосом ржи.

Работа выполнена при финансовой частичной поддержке гранта РФФИ (99-04-40332).

## THE PECULIARITIES OF ANDROGENESIS IN WHEAT/RYE SUBSTITUTION LINES

Dobrovolskaya, O.B., Pershina, L.A., Kravtsova, L.A., Shchapova, A.I.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Genotypic factors and conditions of cultivation influence the peculiarities of androgenesis *in vitro*. In this process the role of individual rye chromosome is studied using additional and substitution wheat lines. In this context the influence of 1R chromosome is analysed to the utmost. Chromosome 1R is shown to possibly increase the frequency of forming embryoids in anther culture depending on wheat genotype. The data about the role of other rye chromosomes on the process of androgenesis can not be estimated definitively. The aim of this work is to study the influence of rye chromosomes on character of androgenesis *in vitro* in the single genotypic environment. Six wheat/rye substitution lines were used in the work. In these lines the following chromosome pairs of wheat cultivar Saratovskaya 29, were substituted on the homeological pairs of rye chromosomes, cultivar Onohoiskaya: 1R (1A), 2R (2D), 3R, 5R (5D), 6R (6A) and 7R (Kravtsova, 1983). As a control a line of wheat Saratovskaya 29 and triticale (Saratovskaya 29 × Onohoiskaya, 2n=56) were used. After cold pretreatment of spikes during 5–9 days at +5°C the anthers were cultivated at the stage of one-nuclear pollen on the agar medium PII with different 2,4-D concentration (from 0 to 1 mg/l) at +29°C. The embryoids developed cultivated on Gamborg B-5 medium without phytohormones or with kinetin and α-NAA (0,25 mg/l of each). The androgenesis effectiveness was estimated on the four factors: frequency of anther providing embryoids; frequency of embryoids per 100 anthers; frequency of regenerated plants per 100 embryoids and percentage of green plantlets per total amount of regenerated plants. It was determined that the frequency of embryoids forming in the line with 1R substitution was significantly higher in comparison with another genotypes and independent of 2,4-D concentration in the initial medium. The frequency of green regenerated plants in this line was connected with 2,4-D concentration in the initial medium but was not linked with phytohormones in the regeneration medium. In the lines with 3R, 6R and 7R chromosomes the associations between frequency of embryoids forming and regenerated plants, and 2,4-D concentration in the medium were registered. In all experiments a line with 5R substitution did not possess the ability to androgenesis. Different reaction of substitution lines in androgenetic ability in any cultivated conditions is supposed to be connected with various concentrations of endogenic phytohormones in anthers. The problem of genetic control of androgenesis traits under influence of rye chromosomes is discussed.

This work was partly supported by Russian Foundation for Basic Research, grant N 99-04-40332.

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТАБИЛЬНОСТЬ СОРТОВ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, НЕСУЩИХ ХРОМАТИН РЖИ

*Пенева Т.И.*

Государственный НЦ РФ Всероссийский НИИ растениеводства им. Н.И.Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Оригинальные сорта озимой мягкой пшеницы, несущие генетический материал хромосомы 1R ржи, и их репродукции изучены методом электрофореза запасных белков зерна в ПААГ в двух системах: в ацетатном буфере pH 3,1 (gliadины) и трис-глициновом буфере pH 8,3 с SDS (глютенины). Для выявления хромосомы 1RS использовали маркерный блок 1B3, состоящий из компонентов глиадина  $\omega_2 \bar{3}_1 \underline{4} \gamma_5$ , кодируемых полигенным локусом *Sec1*. В сортовых популяциях ржи такое сочетание компонентов встречается сравнительно редко, что, вероятно, связано с высоким уровнем гетерозиготности ржи по локусу *Sec1*. В отличие от ржи у пшеницы данный локус находится в гомозиготном состоянии. Этот локус передан в изученные сорта пшеницы, вероятно, от Neuzucht 14/14, РПГ 14/14 и РПГ 14/49. Компоненты глютенина, контролируемые локусом *Sec3*, служили маркером 1RL. Маркеры 1RS и 1RL присутствовали одновременно у Мироновской 10, Soladin, Burgas 2, Orlandi, Neuzucht 14/14, РПГ 14/14 и 14/49, что указывает на замещение 1B-1R. Остальные сорта несли транслокацию 1B/1R. По спектрам глиадина все сорта-оригиналы монотипны, за исключением Winnetou и Lovrin 13. В процессе репродукции сорта Hamlet и Linos сохранили полное соответствие оригиналам. Высокая стабильность отмечена у Мироновской 10, Feldkrone, Perseus. Сорта Аврора, Кавказ, Безостая 2, Lovrin 10, Burgas 2, Saladin также были довольно стабильными и сохранили соответствие оригиналам на 80–90%. Однако ряд сортов претерпели значительные изменения: Winnetou утратил сходство с оригиналом; Orlandi соответствовал оригиналам на 17%; Benno – на 58%. У Lovrin 13 в одной репродукции изменилось соотношение биотипов. В другой репродукции того же самого сорта появилась примесь зерновок пшеницы, в спектрах глиадина которых не выявлены маркеры 1R ржи. В целом показано, что в процессе репродукции имели место следующие изменения: 1) элиминация 1RS; 2) структурная перестройка хромосом пшеницы и ржи, которая проявлялась в присутствии одновременно в спектрах глиадина компонентов – маркеров хромосом 1B и 1R и в появлении новых компонентов; 3) выщепление форм, входящих в состав родословных сортов; 4) механическое засорение. Выявленные генетические изменения представлены в разной степени у изученных сортов. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости строгого контроля за сохранением оригинальности и целостности сортов и показывают перспективность использования для этих целей в качестве маркеров запасных белков зерновки.

**GENETIC STABILITY OF WINTER BREAD WHEAT CULTIVARS  
CARRYING RYE CHROMATIN***Peneva, T.I.*

N.I.Vavilov All-Russia Institute of Plant Industry, St. Petersburg, Russia

The original cultivars of winter bread wheat carrying a genetic material of chromosome 1R and their reproductions are investigated by a method of electrophoresis of storage seed proteins in PAGE in two systems: in acetic buffer pH 3,1 (gliadins) and tris-glicine buffer pH 8,3 with SDS (glutenins). For detection of chromosome 1RS the marker block 1B3, consisting from components of gliadin  $w_2 \overline{3}_1 \overline{4} \gamma_5$ , encoded by a polygenic locus *Sec1* has utilized. Such combination of components meets rather seldom in populations of rye, that probably, is connected with a high level of a heterozygosity of rye in the locus *Sec1*. On the contrary, the given locus is in a homozygous state in wheat. This locus was transferred to the investigated cultivars of wheat probably from Neuzucht 14/14, RWH 14/14 and RWH 14/49. The components of glutenin controlled by the locus *Sec3*, were markers of 1RL. The markers of 1RS and 1RL were presented simultaneously in Mironovskaya 10, Soladin, Burgas 2, Orlandi, Neuzucht 14/14, RWH 14/14 and 14/49, that specifies about substitution of 1B for 1R. The remaining cultivars carried the translocation 1B/1R. All cultivars – originals were monotypical on gliadin banding patterns for exception of Winnetou and Lovrin 13. After reproduction the cultivars Hamlet and Linos were completely identical to the originals. The high stability is marked for Mironovskaya 10, Feldkrone, Perseus. The cultivars Aurora, Caucasus, Bezostaya 2 Lovrin 10, Burgas 2, Saladin were also rather stable and have saved correspondence to the originals on 80–90%. However, some cultivars have undergone the considerable changes: Winnetou lost a likeness with the original; Orlandi corresponded to the original on 17%; Benno – on 58%. In one reproduction of Lovrin 13 the relation of the biotypes has varied. In another reproduction of the same cultivar the impurity of wheat cultivar in spectra of which the gliadin markers of 1R are absent has appeared. As a whole it is shown, that during reproduction the following changes took place: 1) elimination of 1RS; 2) the structural modification of wheat and rye chromosomes, which were exhibited in the presence in gliadin banding patterns of the components – markers of the chromosome 1B and 1R simultaneously and in appearance of new components, 3) appearance of the forms similar in gliadin banding patterns with cultivars which are included in genealogical trees of these cultivars; 4) mechanical admixtures. Detected genetic changes were represented in different degree in studied cultivars. The obtained results testify to necessity of a strict control for saving of originality and integrity of cultivars and show perspectivity of usage of grain storage proteins as markers for these purposes.

**ОСОБЕННОСТИ СТАБИЛИЗАЦИИ КАРИОТИПОВ У ЯЧМЕННО-  
ПШЕНИЧНЫХ ГИБРИДОВ *H.VULGARE L.* × *T.AESTIVUM L.*  
И *H.GENICULATUM ALL.* × *T.AESTIVUM L.***

*Нумерова О.М., Першина Л.А., Салина Е.А., Шумный В.К.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Изучены особенности преобразования кариотипов у гибридов *H.vulgare L.* ( $2n=14$ ) × *T.aestivum L.* ( $2n=42$ ) в процессе их беккроссирования мягкой пшеницей и у гибридов *H.geniculatum All.* (*H.maritimum* subsp. *gussoneanum*) ( $2n=28$ ) × *T.aestivum L.* ( $2n=42$ ) в процессе беккроссирования и в результате образования амфиплоидов при колхицинировании. Установлено, что в зависимости от генотипов пшеницы 28-хромосомные гибриды *H.vulgare* × *T.aestivum*, способны формировать жизнеспособные гаметы с нередуцированным числом хромосом. Анализ мейоза растений  $F_1$  показал, что формирование таких гамет происходит из-за нерасхождения хромосом в анафазе I и из-за отсутствия цитокинеза в телофазе I. Из зерновок, завязавшихся после опыления гибридов  $F_1$  пшеницей, развиваются 49-хромосомные  $BC_1$  растения. Последующее беккроссирование приводит к уменьшению числа хромосом у растений беккроссовых потомков и стабилизации кариотипов у растений  $BC_3$ – $BC_4$  на 42-хромосомном уровне. Формируются растения пшеничного типа, имеющие цитоплазматический геном ячменя и рекомбинантный ядерный геном пшеницы. Образование рекомбинантного генома происходит за счет введения в беккроссирование разных сортов пшеницы при восстановлении fertильности аллоплазматических линий. Наличие рекомбинации между разными сортами пшеницы подтверждено молекулярно-генетическим анализом. Обсуждается возможность интроверсии элементов ядерного генома ячменя в геном аллоплазматических линий.

У 35-хромосомных гибридов *H.geniculatum* × *T.aestivum* жизнеспособные гаметы с нередуцированным числом хромосом формируются в результате эквационного деления хромосом в анафазе I и нерасхождения хромосом в анафазе II. Из семян, завязавшихся после опыления гибридов  $F_1$  пшеницей, выращены растения с числами хромосом 46\*, 48, 50\*, 55. (Здесь и далее \* помечены числа хромосом у растений с самофertильностью). Цитогенетический анализ самоопыленных потомков  $BC_1$ ,  $BC_2$ ,  $BC_3$  показал, что процесс стабилизации кариотипов длительный и не ограничивается образованием только 42-хромосомных растений. Среди растений  $BC_1F_7$ ,  $BC_2F_5$ ,  $BC_3F_6$  выявлены следующие цитотипы:  $2n=40^*$ ,  $40+2t^*$ ,  $41^*$ ,  $41+2t^*$ ,  $42^*$ ,  $42+t^*$ ,  $42+2t^*$ ,  $43^*$ ,  $43+t^*$ ,  $44^*$ ,  $45$ ,  $45+t^*$ ,  $46$ . Амфиплоиды *H.geniculatum* × *T.aestivum* ( $2n=68$ – $70$ ), полученные в результате колхицинирования гибридов, самофertильные, но цитогенетически не стабильные. В ряду самоопыленных поколений у них происходило уменьшение числа хромосом. К  $F_9$  выделены эуплоидные ( $2n=42$ ) и анеуплоидные ( $2n=40+4t^*$ ,  $42+t^*$ ,  $42+2t^*$ ) линии. Обсуждаются возможные механизмы, приводящие к цитогенетической нестабильности у аллоплазматических потомков гибридов *H.geniculatum* × *T.aestivum*.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ (99-04-4-332).

**THE FEATURES OF KARYOTYPE STABILIZATION IN BARLEY-WHEAT HYBRIDS (*H.VULGARE* L. × *T.AESTIVUM* L.) AND (*H.GENICULATUM* ALL. × *T.AESTIVUM* L.)**

Numerova, O.M., Pershina, L.A., Salina, E.A., Shumny, V.K.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

The features of karyotype stabilization in hybrids *H.vulgare* L. ( $2n=14$ ) × *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ) in the process of backcrosses with common wheat and in hybrids *H.geniculatum* All. (*H.marinum* subsp. *gussoneanum*) ( $2n=28$ ) × *T.aestivum* L. ( $2n=42$ ) in the process of backcrosses and as the result of amphiploid formation were studied. It is established that 28-chromosome hybrids *H.vulgare* × *T.aestivum* were capable to form viable gametes with nonreduced chromosome number depending on wheat genotypes. A cytological analysis of  $F_1$  plants revealed that the formation of such gametes occurred in consequence of lack of chromosome divergence in AI and the absence of cytokinesis in TI. Plants grown from the seeds obtained by backcrosses of  $F_1$  hybrids with common wheat had predominantly 49 chromosomes. The consecutive backcrosses led to the decrease of the number of chromosomes in progenies of hybrids. The karyotypes of plants in backcross progenies of *H.vulgare* × *T.aestivum* were stabilized in the  $BC_3$ – $BC_4$  and had 42 chromosomes. Wheat-type plants having barley cytoplasmic genome and wheat recombinant nuclear genomes were being formed. The formation of the recombinant genome happened due to the introduction of different wheat cultivars in the backcrosses to restore the self-fertility. The presence of recombination of genomes of different wheat cultivars was proved by the molecular genetic analysis. The possibility of introgression of barley nuclear genome elements into the genome of alloplasmic lines is being discussed.

Viable gametes with the nonreduced number of chromosomes were being formed in barley-wheat hybrids *H.geniculatum* × *T.aestivum* L. ( $2n=35$ ) as a result of equational division of chromosomes in AI and lack of chromosome divergence in AII. Plants with the number of chromosomes  $2n=46^*$ , 48, 50\*, 55 were grown from the seeds obtained in  $F_1$  hybrids after pollination with wheat (the number of chromosomes in plants with self-fertility are marked with \*). Cytogenetic analysis of self-pollinated progenies of  $BC_1$ ,  $BC_2$  and  $BC_3$  revealed that the process of karyotype stabilization was long-term and was not restricted only by the formation of 42-chromosome plants. The following cytotypes were revealed in  $BC_1F_7$ ,  $BC_2F_5$ ,  $BC_3F_6$  plants:  $2n=40^*$ ,  $40+2t^*$ ,  $41^*$ ,  $41+2t^*$ ,  $42^*$ ,  $42+t^*$ ,  $42+2t^*$ ,  $43$ ,  $43+t^*$ ,  $44^*$ ,  $45$ ,  $45+t^*$  and 46. Amphiploids *H.geniculatum* × *T.aestivum* ( $2n=68$ –70), obtained as a result of treatment of  $F_1$  hybrids with colchicine were self-fertile but cytogenetically destabilized. As a result of self-pollination of amphiploids the euploid lines ( $2n=42$ ) and the aneuploid lines ( $2n=40+4t^*$ ,  $42+t^*$ ,  $42+2t^*$ ) were selected to  $F_9$ . The possible mechanisms leading to cytogenetic instability in alloplasmic lines of hybrids *H.geniculatum* × *T.aestivum* are discussed.

The work was supported by Russian Foundation for Basic Research, grant no. 99-04-49332.

## УДВОЕНИЕ ХРОМОСОМ *IN VITRO* У ПОЛИГАПЛОИДОВ ПШЕНИЦЫ

*Джура А.*

Research Institute for Cereals and Industrial Crops, Fundulea, Romania

При выполнении программы получения гаплоидов и дигаплоидов пшеницы при гибридизации с кукурузой в Фундуле в Институте злаков и промышленных культур опробован метод колхицинирования гаплоидных зародышей в условиях *in vitro* в качестве альтернативы методу *in vivo*. Кроме того, в процессе культивирования зародышей возможна их яровизация. Использование двух подходов облегчает работу с большим числом гаплоидов (4000–5000 на цикл скрещивания), получаемых в летне-осенний период.

Сообщение представляет результаты, полученные при обработке колхицином *in vitro* незрелых гаплоидных зародышей.

Зародыши были получены в соответствии с ранее описанным методом (Giura, 1994, 1995) путем скрещивания двух генотипов пшеницы (Фаворит и Фундулея 133) с кукурузой.

В этом эксперименте культивирование гаплоидных зародышей пшеницы проводили на модифицированной среде Гамборга – В5 в три стадии: 1) незрелые зародыши (всего 591) помещали в шести повторностях в чашки Петри с питательной средой и колхицином (две концентрации – 0,03 и 0,05%) и диметилсульфоксидом (ДМС) (15 мл/л) и культивировали в темноте при 24°C в течение 24 и 48 часов, соответственно; 2) обработанные колхицином зародыши переносили свободную от колхицина и ДМС среду и культивировали до их прорастания; 3) проросшие зародыши индивидуально пересаживали в культуральные сосуды на ту же питательную среду.

Сосуды с развивающимися растениями содержали в термостате при рассеянном освещении и температуре 6–8°C в течение 45 дней до яровизации. Затем растения-регенеранты выращивали до получения зерновок у дигаплоидов (ДГ).

Статистически обрабатывались следующие данные: число проросших зародышей (ПЗ) на питательной среде; число регенерировавших гаплоидных проростков (ГП); число растений-дигаплоидов, завязывающих семена (ДГ).

С помощью программы ANOVA было обнаружено, что эмбрионы двух генотипов пшеницы одинаково реагируют как на обработку колхицином, так и на длительность обработки. Однако существенными были различия по частоте регенерации ГП и частоте удвоения числа хромосом у гаплоидов в зависимости от концентрации колхицина.

Вариант 24-часовой обработки 0,03% колхицином дал наилучший результат. 48-часовая обработка 0,05% колхицином существенно уменьшает параметры ПЗ, ГП и ДГ. В этом эксперименте варианты обработки колхицином *in vitro* дали более низкие значения удвоения (18,8–42,3%) по сравнению с общепринятым методом обработки (58,2–90,8%). Необходимы дополнительные исследования для повышения эффективности удвоения *in vitro*.

**IN VITRO CHROMOSOME DOUBLING OF THE WHEAT POLYHAPLOIDS***Giura, A.*

Research Institute for Cereals and Industrial Crops, Fundulea, Romania

*In vitro* colchicine treatment was tested as an alternative to the *in vivo* conventional doubling method in a programme of haploid and doubled haploid (DH) lines production by *Zea* system at RICIC-Fundulea. In addition, the vernalization stage could be also fulfilled *in vitro*. These two approaches were imposed by the difficulties in handling a large number of *in vitro* regenerated haploid plants (4000–5000 per crossing cycle) during the summer-autumn months.

This paper presents the results obtained by testing the effect of *in vitro* treatments with antimitotic agent – colchicine – upon immature haploid embryos.

Embryos were produced according to the preliminary developed protocol (Giura, 1994, 1995) by crossing two wheat genotypes (Favorit and Fundulea 133) with maize.

In this experiment, *in vitro* culture of haploid wheat embryos was made on Gamborg – modified B5 nutritive medium (basic nutritive medium) in three stages: 1) immature embryos (591) were placed at six replications (six intervals of seed dissection) in petri dishes on nutritive media with colchicine (two concentrations 0,03 and 0,05%) and DMSO (15 ml/L) and were kept in dark conditions at 24°C for 24 and 48 hours respectively; 2) colchicine exposed embryos were then transferred to the correspondent colchicine-free medium until germination; 3) germinated embryos were individually transferred in culture vials on the same basic nutritive medium.

Vials with regenerated haploid plantlets were then stored in a thermostat with diffuse light at 6–8°C for 45 days to fulfil the vernalization. Regenerated plants were adequately cultured till the harvest of doubled haploid (DH) seeds.

The data concerning: the number of germinated embryos on basic nutritive medium (EG); the number of *in vitro* regenerated haploid plantlets (PH) and the number of plants with doubled haploid seeds (DH) were statistically analysed.

Anova using angular transformation of data revealed that embryos of the two wheat genotypes had a similar reaction both to colchicine concentration and treatment durations. Nonsignificant differences were found for genotype reaction. Significant differences were however detected between colchicine concentrations regarding the regeneration of haploid plantlets (PH) and *in vitro* doubling rate of chromosome number (DH).

Treatment variant with 0,03% colchicine and 24 hour time of exposure gave the best results of all the tested variants. The 48 hours treatment period with 0,05% colchicine significantly decreased EC, PH and DH analysed parameters. In this experiment colchicine treatment variants applied *in vitro* gave lower doubling rates (18,8–42,3%) compared to the conventional treatment method (58,2–90,8%). Additional investigations for improving *in vitro* doubling efficiency could be worthwhile.

## ПОЛУЧЕНИЕ ГАПЛОИДОВ У ПОТОМКОВ ЯЧМЕННО-ПШЕНИЧНЫХ ГИБРИДОВ ПРИ КУЛЬТИВИРОВАНИИ ПЫЛЬНИКОВ И ПРИ ГИБРИДИЗАЦИИ С КУКУРУЗОЙ

Першина Л.А., Белова Л.И., Девяткина Э.П., Нумерова О.М., Молоткова М.Ф.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Для растений, получаемых при отдаленных скрещиваниях, характерен длительный процесс формообразования. Ускорение этого процесса возможно при создании гомозиготных рекомбинантных линий на основе гибридных форм. С этой целью могут быть использованы альтернативные методы получения гаплоидов с последующим удвоением у них числа хромосом: культивирование пыльников и скрещивание гибридных форм с гаплопродюсерами. Эффективность этих методов зависит от генотипов растений-доноров и методов культивирования *in vitro*. В данном сообщении приводятся результаты получения полигаплоидов у беккроссных потомков ячменно-пшеничных гибридов *H.vulgare* L. × *T.aestivum* L., у беккроссных потомков и самоопыленных потомков амфиплоидов, полученных у гибридов *H.geniculatum* All. × *T.aestivum* L. Использован метод культивирования пыльников при оптимизации условий культивирования за счет изменения концентрации 2,4-Д и состава среды по содержанию углеводов (сахарозы и/или мальтозы). В качестве гаплопродюсера при скрещивании с гибридными линиями использована кукуруза. Опыленные кукурузой цветки обрабатывали раствором 2,4-Д. Отработаны условия культивирования полигаплоидных зародышей, развившихся у растений гибридного происхождения и исходных сортов пшеницы в результате их гибридизации с кукурузой и последующей элиминации хромосом кукурузы. При культивировании пыльников отмечено достоверное влияние генотипического разнообразия растений-доноров на частоту пыльников, образовавших эмбриоиды, на образование андрогенных эмбриоидов, частоту регенерации всех растений, частоту регенерации зеленых растений. Выделены аллоплазматические эуплоидные линии с высокой частотой образования эмбриоидов и высокой частотой регенерации зеленых растений. При скрещивании с кукурузой обнаружены различия между гибридными генотипами по частоте завязывания зерновок с зародышами. Установлено, что в среднем для изученных гибридных генотипов метод культивирования пыльников при получении гомозиготных линий эффективнее, чем использование скрещиваний с кукурузой. Это связано с тем, что в результате культивирования пыльников большей части гибридных генотипов у андрогенных растений проявилась способность к спонтанному удвоению числа хромосом и восстановлению fertильности. Так, выделены аллоплазматические эуплоидные линии с частотой формирования андрогенных растений с восстановленной fertильностью выше 50%. Это снимает проблему индуцированного удвоения хромосом у полигаплоидов с помощью колхицина.

Проверено проявление гаметоклональной изменчивости у андрогенных растений с восстановленной fertильностью при выращивании растений в разных условиях. В полевых экспериментах выделены гаметоклоны, отличающиеся от растений-доноров по высоте и длине вегетационного периода.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ (99-04-40332)

## THE PRODUCTION OF HAPLOIDS IN BARLEY-WHEAT HYBRID PROGENIES UNDER ANther CULTURE AND HYBRIDISATION WITH MAIZE

Pershina, L.A., Belova, L.I., Devyatkina, E.P., Numerova, O.M., Molotkova, M.F.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

A long-term formation process of new plants with stable genome is typical of the plants obtained as a result of wide hybridisation. It is necessary to produce homozygous recombinant lines with using of hybrid genotypes to accelerate this process. Alternative methods of obtaining haploids – anther culture and crossing of hybrids with haploproducers can be used with this purpose. The effectiveness of these methods depends on plant genotypes and methods of cultivation *in vitro*. The results of obtaining polyhaploids and doubled polyhaploids in backcross progenies of barley-wheat hybrids *H.vulgare* L. × *T.aestivum* L. and in amphiploids and backcross progenies of barley-wheat hybrids *H.geniculatum* All × *T.aestivum* L. are reported. Anther culture and crossing hybrid genotypes with *Zea mays* L. were used for polyhaploid production in this work.

A method of anther culture was modified by means of changing 2,4-D concentration and the contents of sucrose and maltose as the carbohydrate in induction medium P-II. The effect of the genotypic diversity of donor plants on the frequency of anthers developed embryoids, the rate of embryoid production and green plants regeneration were established. Alloplasmic euploid lines with high frequency of embryoid production and green plants regeneration were received.

The flowers of hybrid genotypes pollinated with maize pollen were treated with 2,4-D solution. Differences in the frequency of setting of caryopsis with embryos were discovered in different hybrid genotypes as a result of hybridisation of these genotypes with maize. The conditions of cultivation of polyhaploid embryos developed in consequence of maize chromosome elimination were carried out. It has been shown that the method of cultivation of anthers for obtaining homozygote lines is more effective than using hybridisation of hybrid genotypes with maize on the average scale in the genotypes studied. It is connected with the fact that the capability of spontaneous doubling the set of chromosomes and fertility restoration were manifested in the most part of hybrid genotypes during the anther cultivation. Thus, alloplasmic euploid lines with frequency of development of self-fertile androgenic polyhaploids more than 50% were selected. It liquidates the problem of polyhaploids induced doubling the number of chromosomes by means of colchicine treatment. The manifestations of gametoclonal variation were checked in androgenic plants with restored fertility. Gametoclones differed from donor plants in height and duration of vegetation period were selected in field experiments.

The work was supported by Russian Foundation for Basic Research, grant no. 99-04-49332.

**ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ ЗЕЛЕНЫХ РАСТЕНИЙ,  
ПОЛУЧЕННЫХ ЧЕРЕЗ КУЛЬТУРУ ПЫЛЬНИКОВ, У ГИБРИДОВ  
*T.AESTIVUM × AGROTRITICUM***

*Игнатова С.А., Симоненко Л.К., Задерей Н.С.*

Южный биотехнологический центр, Селекционно-генетический институт, Одесса,  
Украина

Одной из целей генетических исследований по отдаленной гибридизации озимой мягкой пшеницы с интересующими дикими формами злаков является разработка способов перенесения нужных для селекции признаков и свойств от дикаря в культивируемые сорта пшеницы. В процессе такой работы возникает задача стабилизации в гомозиготах всего спектра получаемых первичных форм для отбора нужного материала, и его изучение.

Целью настоящего исследования является получение гомозиготных линий посредством культуры пыльников из популяций Ch. Spring *ph2b* × *Agrotriticum* (*Tr.durum* × *A.elongatum*), ( $2n=42$ ) после беккроссирования 5 сортами озимой мягкой пшеницы – Мироновская 808, Одесская 16, Чайка, Эритроспермум 127, Одесская полукарликовая. В качестве донорного материала выбирали растения пшеничного типа с признаками пырея, после 7–8 беккросса. На индукционном этапе использовали питательную среду Р-2 с 1,5 мг/л 2,4-Д, 5 г/л ПЭГ, по 400 мг/л глутамина и пролина. Зеленые регенеранты были получены и расклоонированы на среде N6. Способность к регенерации зеленых растений обуславливалась конкретным генотипом донора и варьировала в пределах популяции каждой комбинации скрещиваний от 0 до 35%. Выявлено две беккроссовые комбинации с сортами Чайка и Эритроспермум, показавшие самый высокий уровень регенерации по выходу зеленых растений в целом и по количеству удвоенных гаплоидов среди них. Всего в эксперименте получено 137 зеленых регенерантов, из которых 44 оказались спонтанно удвоенными гаплоидами и fertильными, у которых в M1 обнаружена стабилизация хромосом по пшеничным бивалентам.

**CYTOGENETIC STUDY OF GREEN PLANTS DEVELOPMENT FROM  
ANTHER CULTURE IN HYBRIDS *T.AESTIVUM* WITH *AGROTRITICUM***

*Ignatova, S.A., Simonenko, L.K., Zaderej, N.S.*

South Center of Biotechnology, Plant Breeding and Genetic Institute, Odessa, Ukraine

One of the goals of genetic research in interspecific hybridization of winter wheat with interesting wild forms of cereals is development of methods of transfer of useful traits from wild forms to commercial wheat varieties. In the process of this work it is important to stabilize the whole of spectrum obtained primary forms for selection of useful agronomic material and its evaluation in future.

In this investigation we obtained homozygous lines via anther culture in populations Ch. Spring *ph2b* × *Agrotriticum* (*Tr.durum* × *A.elongatum*), (2n=42) after it is backcrossing with five cultivars of winter wheat – Mironovskaya 808, Odesskaya 16, Chaika, Erytrospermum 127, Odesskaya semidwarf. Wheat-type plants with *A.elongatum* traits (after 7–8 backcrossing cycles) were taken as a donor material. P-2 solid medium with 1,5 mg/l 2,4-D, 5 mg/l PEG, 400 mg/l glutamine and 400 mg/l proline was used for culture initiation. The green plants were obtained and cloned on the N6 medium. Green plant regeneration capacity was genotype – dependent and varied from 0 to 35% in obtained populations.

Two combinations, derived in backcrossing with Chaika and Erytrospermum 127 showed the highest level of green plant production and spontaneous doubled haploids among them. The total number of obtained green regenerants is 137; 44 of them were fertile spontaneous doubled haploids, showing chromosomal stability of wheat bivalents in M1.

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДЕТЕРМИНАЦИЯ АНДРОКЛИНИИ У ПШЕНИЦЫ: ЭМБРИОЛОГИЧЕСКИЙ АСПЕКТ

Круглова Н.Н.

Институт биологии Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия

Андроклиния характеризуется как феномен, состоящий из образования в условиях *in vitro* растения-регенеранта (спорофита) из спорогенной клетки, которая обычно в условиях *in vivo* дает начало пыльцевому зерну (гаметофиту). Данный феномен лежит в основе метода культуры изолированных пыльников – одного из перспективных подходов в современных генетических исследованиях.

Ключевая проблема андроклинии – детерминация спорофитного пути развития спорогенных клеток в условиях *in vitro*. Эта проблема остается далекой от окончательного решения. По мнению абсолютного большинства исследователей и согласно нашим данным, основным фактором, детерминирующим переключение «гаметофит-спорофит», является генотип донорского растения. Цель данной работы – изучить такой важный аспект влияния генотипа на спорофитный путь развития спорогенных клеток, как эмбриологический статус пыльников в момент их инокуляции на культуральную среду. Объектом исследования послужила коллекция генотипов яровой мягкой пшеницы. Использовалась разработанная нами (Круглова, 1999) периодизация развития пыльника злаков.

Пыльники злаков, в частности пшеницы, характеризуются асинхронным развитием спорогенных клеток. Согласно полученным данным, у всех изученных генотипов максимальной отзывчивостью на условия культивирования обладали пыльники, содержащие превалирующее (более 50%) количество микроспор в сильновакуолизированной фазе. Иначе говоря, эта фаза развития спорогенной клетки оптимальна для индуциции андроклинии у изученных генотипов. Такую микроспору мы называем морфогенной. По данным световой и электронной микроскопии, морфогенная микроспора по своей структурной организации сходна с яйцеклеткой пшеницы. Кроме того, данная фаза, по-видимому, является одной из критических фаз развития спорогенных клеток, наиболее чувствительных к действию внешних факторов. «Критичность» этой фазы в данном случае определяется предметотическим состоянием клетки, а внешним фактором служат главным образом экзогенные гормоны определенной концентрации, входящие в состав питательной среды.

С позиций подхода к пыльнику как к сложной интегрированной системе важно на всех этапах развития учитывать статус не только спорогенной ткани, но и тканей стенок гнезда пыльника. Так, стенка гнезда пыльника пшеницы, содержащего морфогенные микроспоры, представлена хорошо развитыми клетками экзотеция и эндотеция, генерирующими клетками среднего слоя и тапетума.

Таким образом, ответная реакция пыльника конкретного генотипа на условия культивирования *in vitro* во многом определяется эмбриологическим статусом этого пыльника в момент инокуляции на питательную среду. Эмбриологический статус безусловно взаимосвязан с иными важными характеристиками инокулируемого пыльника, главным образом, уровнем эндогенных гормонов.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант 99-04-48496).

## GENETICAL DETERMINATION OF ANDROCLYNIA IN WHEAT: THE EMBRYOLOGICAL ASPECT

Kruglova, N.N.

Institute of Biology, Ufa Sci. Centre of RAS, Ufa, Russia

Androclynia is the phenomenon which consists in the formation of plant-regenerant (sporophyte) *in vitro* conditions from the sporogenous cell which usually gives the origin to pollen grain (gametophyte) *in vivo* conditions. This phenomenon is the foundation of the isolated anther culture method which is one of the perspective approaches in modern genetical investigations.

The key problem of androclynia is the determination of sporophytic pathway of sporogenous cells *in vitro* conditions. This problem remains investigated insufficiently.

On the mind of absolute majority of researchers and according to our results, the general factor determining the switch of "gametophyte" to "sporophyte" is the genotype of donor plant. The purpose of the research was the investigation of such important aspect of genotype influence on sporophytic pathway of sporogenous cells as the embryological status of anthers in the moment of its inoculation to cultural medium. The object of investigation was the collection of spring soft wheat genotypes. The periodicity of cereal anther development prepared by us (Kruglova, 1999) was used.

The anthers of cereals and of wheat in particular are characterised by asynchronous development of sporogenous cells. According to the data obtained anthers that contain preponderating number (more than 50%) of microspore in strongly-vacuolated phase had the greatest responsiveness on the cultural conditions in all genotypes. In other words this phase of sporogenous cell development is optimal for the induction of androclynia in genotypes under studied. Such microspore we call the morphogenic microspore. The data of light and electronic microscopy testified to the similarity of structural organisation (mainly of polarity) of morphogenic microspore and egg cell in wheat. Besides this phase is apparently one of the critical phases in the development of sporogenous cells and this phase is characterised by the greatest sensitivity to the action of outward factors. "Critical characteristic" of this phase in that case is clearly defined by premitotic state of the cell; the role of outward factor play exogenous hormones of appointed concentration including in the composition of nutrient medium.

From the approach to anther as the complex integrated system it is important to take into consideration the status not only of sporogenous tissue but also tissues of anther loculus wall on all developmental stages. So, the anther loculus wall of wheat including the morphogenic microspores is represented by well-developed exothecium and endothecium cells and by degenerating middle layer and tapetum cells.

Thus response reaction of anther of concrete wheat genotype on the *in vitro* conditions to a great extent was determined by its embryological status in the moment of inoculation on nutrient medium. Embryological status undoubtedly interconnects with others important characteristics of inoculated anther and generally with the level of endogenous hormones.

The work is executed at support by the Russian Foundation for Basic Research (Grant 99-04-48496).

## ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ РАСТЕНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ АНДРОКЛИННОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ

Золотова Т.М.

Институт биологии Уфимского научного центра РАН, Уфа, Россия

Большая часть культурных растений возделывается ради плодов и семян, формирование которых осуществляется в результате генетически детерминированного комплекса сложнейших взаимообусловленных процессов, включающих споро- и гаметогенез, цветение, опыление, оплодотворение, эмбрио- и эндоспермогенез. Особенности каждого из этих процессов детерминируются геномной структурой вида и специфичны для каждого сорта. Это необходимо учитывать в селекции и семеноводстве. Для изучения основных закономерностей становления генотипа привлекает внимание одна из нетипичных форм воспроизводства растений – гаплоидия.

Способность к андроклинике определяется генетическими особенностями донорских растений. Влияние генотипа на регенерационную способность обуславливается, возможно, тем, что в этих линиях наиболее четко функционируют механизмы, включающие многочисленные структуры и функциональные изменения. Среди них особую роль играет реакция генетического аппарата к индивидуальному приспособлению к изменившимся условиям в сравнительно короткий срок.

Анализ коллекции сортов яровой мягкой пшеницы и их гибридов F<sub>1</sub> показал, что частота образования андроклинических структур в гибридных комбинациях имеет сложный характер наследования и зависит от геномного состава родительских компонентов. Согласно полученным данным, отсутствует жесткая зависимость между частотой образования андроклинических структур у родительских форм и гибридов. Слабо отзывчивые на условия культивирования сорта могут давать отзывчивые гибриды. Возможно, гены, отвечающие за этот признак, действуют как аддитивные или комплементарные. В большинстве гибридных комбинаций частота образования андроклинических структур (эмбриоидов) имела сверхдоминирование над лучшим из родителей. В реципрокных скрещиваниях отмечено влияние материнской цитоплазмы на этот признак. Возможность получения гаплоидов в культуре пыльников трудно предсказуема. Поэтому были проведены исследования особенностей процесса цветения родительских форм некоторых гибридных комбинаций. Выявлены различия по суточному ритму цветения и по продолжительности открытого состояния цветков.

Кариологический анализ андроклинических регенерантов выявил отличие андроклинического аналога от гибрида по количеству типов хромосом. Так, для андроклинических регенерантов комбинации Московская 35 × Жница характерны пять типов хромосом, тогда как донорские гибридные растения этого генотипа характеризуются только тремя типами хромосом. Таким образом, выборки кариотипа андроклинических регенерантов характеризуются отличительными морфологическими параметрами гомологичных хромосом, а в целом большим полиморфизмом гомологичных хромосом по сравнению с растениями донорной гибридной линии.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант 99-04-48496).

## CYTOGENETIC ANALYSIS OF SPRING SOFT WHEAT OF ANDROCLYNIC ORIGIN

Zolotova, T.M.

Institute of Biology, Ufa Scientific Centre of the RAS, Ufa, Russia

Most cultured plants has been grown by reason of fruits and seeds which are result from genetically determined complex of interacting processes including sporo- and gametogenesis, florescence, pollination, fertilisation, embryogenesis and endospermogenesis. Features of each of these processes are determined by genome structure of species and are specific for each of variety. It is necessary to take account in selection and seed growing. The haploidy as one of atypical forms of plant reproduction attracts the attention to study main regularities of genotype formation.

Genetic features of donor plants determine ability for androclynia. It is possible the influence of genotype to regeneration ability is connected with mechanisms, functioning more efficient in these lines. These mechanisms include large number of structures and functional changes. Special role of them plays genetic system's reaction to individual adaptation towards changing conditions in comparatively short period.

Analysis of the collection of *Triticum aestivum* L. varieties and their hybrids F<sub>1</sub> has been performed that frequency of androclynic structure's formation from hybrid combinations has complicated character of inheritance. One depends on genome's compound of parental components. According to our data, there is no strict dependence between frequency of androclynic structure's formation from parental forms and hybrids. The wheat varieties that characterised by weak responsiveness to conditions of culture could give responsible hybrids. It is possible genes responsible for this quality work as additive and complemented. In majority of hybrid combinations the frequency of androclynic structure's (embryoids) formation has superdominance over the better parental forms. The influence of maternal cytoplasm to this quality has been noted. The possibility of haploid formation in cultured anthers *in vitro* is predicted with difficulty. That is why the investigations were made to study features of florescence process of parental forms of some hybrid combinations. Differences respect to diurnal rhythm of florescence and duration of flower exposition were demonstrated.

The difference between androclynic form and hybrid for quantity of chromosome tips is showed by karyological analysis of androclynic regenerants. For instance, androclynic regenerants Moskavskaya 35 × Zhnitsa had five types of chromosomes, whereas donor hybrid plants of this genotype are characterised only three types of chromosomes. To summarise, excerpts of karyotype from androclynic regenerants are characterised by specific morphological parameters of homologous chromosomes. In general they are characterised by great polymorphism of homologous chromosomes in comparison with plants of donor hybrid line.

The work was supported by grant 99-04-48496 of the Russian Foundation for Basic Research.

**Секция 3 / Session 3****МЕЖСОРТОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО АДАПТИВНОСТИ И КАЧЕСТВУ ЗЕРНА ПОД ВОЗДЕЙСТВИЕМ БИОСТИМУЛЯТОРОВ РОСТА РАСТЕНИЙ**

*Сергеева С.И., Чекуров В.М.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Биостимуляторы природного происхождения в силу своей экологической безопасности имеют особое значение. К числу таких препаратов относится Силк, действующим веществом которого является смесь тритерпеновых кислот, экстрагированных из древесной зелени пихты сибирской. Препарат обладает биоfungицидным эффектом, повышает продуктивность растений, качество зерна, адаптивность растений к экстремальным факторам среды. Представляло интерес определить влияние Силка на морфологию корневой системы и колеоптиля у проростков семи сортов яровой пшеницы, различающихся по засухоустойчивости. Обнаружено, что практически все сорта увеличили длину корневой системы, число корешков, а также длину колеоптиля. По-видимому, более мощная корневая система, развивающаяся на ранних этапах онтогенеза под влиянием Силка, обеспечивает повышение адаптивности к неблагоприятным воздействиям внешней среды у растений многих культур, в т.ч. пшеницы. Вместе с тем, наблюдается межсортовой полиморфизм по реакции изученных признаков на действие Силком. Наиболее чувствительным оказался сорт Карагандинка, у проростков которого длина корневой системы увеличилась на 62%, число корешков на 44%, длина колеоптиля на 78%. У сортов Эритроспермум 14 и Кзыл-Шорк эти признаки увеличились соответственно: длина корней на 41% и 46%; число корней на 10% и 17%, длина колеоптиля на 38% и 46%. Наименее чувствительным к воздействию Силком оказался сорт Ленинградка, у которого превышение над контролем было на грани достоверности.

Кроме того, изучали влияние Силка на качество зерна. Обнаружено существенное улучшение качества: увеличилось количество сырой клейковины, средний размер частиц, стекловидность. Однако и здесь имел место межсортовой полиморфизм.

Таким образом, знания о межсортовом разнообразии по чувствительности к воздействию Силка, как и любого другого биостимулятора, позволит подобрать наиболее отзывчивые генотипы для получения максимального эффекта от обработок, а также облегчит поиск путей, позволяющих понять генетические механизмы, обеспечивающие это разнообразие.

**INTERVARIETAL DIVERSITY INDUCED BY PLANT GROWTH  
BIOSTIMULATORS IN COMMON WHEAT WITH RESPECT  
TO ADAPTIVENESS AND GRAIN QUALITY**

Sergeyeva S.I., Chekurov V.M.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Biostimulators of natural origin are of special value because of their ecological safety. Among them is Silk, whose active substance is a mix of triterpenic acids extracted from green needles of *Abies sibirica*. The preparation has an overall positive effect on the plants: it is a biofungicide which increases productivity, grain quality, and fitness. It is interesting to see how Silk affects the morphology of the root system and coleoptile in the germs of seven summer wheat cultivars with different drought resistance. It has been discovered that all the cultivars increased the length of the root system, rootlet number, and the coleoptile length. Probably, a more vigour root system developing at earlier stages of ontogenesis due to effect of Silk, underlies a better adaptiveness to adverse environmental conditions in many cultures, wheats included. On the other hand, there is intervarietal polymorphism among the characters studied for response to exposure to Silk. The most sensitive was Karagandinka, with the length of the root system in its germs increased by 62%, rootlet number by 44%, and coleoptile length by 78%. In Eritrosperum 14 and Kzyl-Shork the respective characters increased as follows: root length by 41 and 46%; root number by 10 and 17%, coleoptile length by 38 and 46%. The least sensitive to Silk is Leningradka, on which the figures were short of significance.

Additionally, effects of Silk were studied on grain quality. This index improved notably: wet gluten content increased, and so did the mean particle size and glassiness. However, intervarietal polymorphism was observed there, too.

Thus, gathering knowledge about intervarietal diversity with respect to the sensitivity to Silk or any other biostimulator will allow the most responsive genotypes to be selected for the most effective treatment, and will make the search for the genetic mechanisms underlying this diversity easier.

## РОЛЬ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ РЖИ И ПШЕНИЦЫ В СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ

Кравцова Л.А., Щапова А.И.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Изучена толерантность к NaCl пшенично-ржаных замещенных линий *Triticum aestivum* L., сорт Саратовская 29/*Secale cereale* L., сорт Онохойская: 1R(1A), 1R(1D), 5R(5A), 5R(5D) и 6R(6A). Для оценки солеустойчивости использовался рулонный метод и растворы NaCl концентрации 0,98% и 1,26%. В качестве контроля использовалась водопроводная вода. Через 7 суток измеряли длину проростков в количестве 22–25 штук каждого номера в двух повторностях.

Установлено, что замещенные линии 1R(1A), 5R(5D) и 6R(6A) по устойчивости проростков к NaCl не отличаются от сорта пшеницы Саратовская 29, а линии 1R(1A) и 5R(5A) существенно отличаются от исходного сорта пшеницы. Соотношение средней длины проростков пшеницы Саратовская 29, выращенных в растворе NaCl концентрации 1,26%, и длины проростков контроля составило 51,01%, у замещенной линии 1R(1A) – 61,88%, а у линии 5R(5A) – только 38,75%. Оказалось, что замещенная линия 1R(1A) по солеустойчивости превосходит исходный сорт пшеницы, а замещенная линия 5R(5A), наоборот, более чувствительна к засолению. Поскольку хромосома ржи 5R у замещенных линий 5R(5A) и 5R(5D) идентична, то наблюдаемые между ними различия по толерантности к NaCl, вероятно, обусловлены хромосомой пшеницы 5A. Хромосомы ржи 1R у замещенных линий 1R(1A) и 1R(1D) не идентичны, различаются эти линии и по хромосомам пшеницы. Для выяснения роли хромосом 1R и 1A в генетическом контроле признака солеустойчивости необходимы дополнительные исследования.

## THE ROLE OF SEPARATE WHEAT AND RYE CHROMOSOMES IN SALT TOLERANCE OF WHEAT-RYE SUBSTITUTION LINES

Kravtsova, L.A., Shchapova, A.I.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

The NaCl tolerance of seedlings in five wheat-rye substitution lines *Triticum aestivum* (cv. Saratovskaya 29)/*Secale cereale* (cv. Onokhoyskaya), substitutions 1R(1A), 1R(1D), 5R(5A), 5R(5D) and 6R(6A) have been studied. For evaluation of salt tolerance the "roll" method was used and NaCl solutions with 0,98% and 1,26% concentrations, running water being the control. After 7 days the length of every from 22–25 seedlings in all variants were measured, in two repeatabilities. The substitution lines 1R(1D), 5R(5D) and 6R(6A) have shown no differences from cv. Saratovskaya 29 (S29) and lines 1R(1A) and 5R(5A) differed significantly from initial cultivar. The average length of S29 seedlings grown in 1,26% solution consisted 51,01%, substitution line 1R(1A) – 61,88% and line 5R(5A) – only 38,75%, comparing to control. It have turned out that the substitution line 1R(1A) exceeds in salt tolerance the initial wheat cultivar and 5R(5A) substitution line, *vise versa*, more sensitive to salinization. Because of 5R chromosome identity in 5R(5A) and 5R(5D) substitution lines the observed differences are stipulated by wheat 5A chromosome. The rye 1R chromosomes in 1R(1A) and 1R(1D) substitutions are not identical and, besides, 1R chromosome replaced the different wheat chromosomes in these lines. Further investigations are necessary to elucidate the role of 1R and 1A chromosomes in genetic control of salt tolerance.

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ РЕАКЦИИ НА ИНТЕНСИВНОСТЬ СВЕТА У ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM L.*)

Евтушенко Е.В., Чекуров В.М.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Растения из одной экологической зоны, попадая в другую по световому режиму экологическую зону, могут испытывать состояние стресса, что отражается на ходе онтогенеза и продуктивности. В отличие от хорошо изученной системы генов фотопериодической чувствительности *Ppd*, ни изменчивость, ни наследование реакции пшеницы на интенсивность освещения практически не исследованы.

В условиях климатических камер изучали влияние низкой интенсивности света (ИС) на период от всходов до колошения (ПВК) у 12 сортов яровой пшеницы. Чувствительность к низкой ИС проявляется у пшеницы в увеличении продолжительности ПВК в условиях длинного дня и низкой ИС. Наиболее чувствительными к ИС оказались сорта степного экотипа Саратовская 29 и Целинная 20, а также сорт Якутянка 224. Низкая ИС в меньшей степени, чем короткий день (КД), задерживала колошение у скороспелых сортов Скала и Новосибирская 22. Таким образом, межсортовая изменчивость признака «чувствительность к интенсивности света» отличается от чувствительности к длине дня по размаху, сортовой специфики и относительному вкладу в детерминируемые признаки.

Генетический анализ признака «чувствительность к интенсивности света» у гибридов между сортами Pitic 62 и Новосибирская 22 показал, что в F<sub>1</sub> неполно доминирует низкая чувствительность к интенсивности света, а по результатам расщепления в F<sub>2</sub> и анализирующем скрещивании не отвергается гипотеза о том, что указанные сорта различаются аллелями двух или трех локусов системы генов, контролирующих чувствительность к ИС у пшеницы. Низкая ИС удлиняет период до кущения у всех изученных сортов на 9–17 дней, у ряда сортов кущение наступает после выхода в трубку. Короткий день также влиял на переход к кущению, но задерживал его намного слабее низкой интенсивности света – от 1 до 5 дней. У всех сортов уменьшается количество колосков в условиях длинного дня и низкой ИС. Еще больше уменьшается число зерновок колоса главного побега по сравнению с количеством зерновок в условиях высокой ИС: до 34% у сорта Pitic 62, до 66% у сорта Скала. У сорта Саратовская 29 колос главного побега при затенении неозернен вообще.

Итак, результаты наших исследований позволяют утверждать, что генетическая система чувствительности к интенсивности света, также как и системы генов *Vrn* и *Ppd*, существенно и плейотропно влияют на комплекс адаптивных и хозяйствственно ценных признаков: длительность периода всходы – колошение, периода до кущения, число колосков и зерновок, массу зерен колоса.

## GENETIC CONTROL OF THE RESPONSE TO LIGHT INTENSITY IN SUMMER WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM L.*)

Evtoushenko E.V., Chekurov V.M.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Exposure to a different light regime may cause stress to plants so that ontogenesis and productivity are affected. In contrast to the well-studied system of genes for response to photoperiod, *Ppd*, neither variability nor the genetic control of light response in wheat has been studied as yet.

The effects of low lights on days to ear emergence (DEE) in 12 summer wheats were studied in climatic chambers. Response to low light intensity is expressed in wheat in the form of an increased DEE under prolonged photoperiod and low light intensity. The most sensitive to light intensity were steppen cultivars Saratovskaya 29 and Tselinnaya 20, and the cultivar Yakutianka 224. Low light intensity lead to delayed ear emergence in the fast ripening cultivars Skala and Novosibirskaya 22, but to a lesser extent than short photoperiod did. Thus the intervarietal variability in the character "response to light intensity" is different than the response to photoperiod in magnitude, cultivar specificity and the relative contribution in the controllable characters.

Genetic analysis of the character "response to light intensity" in Pitic 62 × Novosibirskaya 22 hybrids showed incomplete dominance of a weak response to light intensity in  $F_1$ , and the results of segregation in  $F_2$  and the analysing cross suggest that these cultivars may differ in the alleles of two or three loci of the system of genes for response to light intensity in wheat. Low light intensity increases the number of days to tillering in all cultivars studied by 9–17 days, in some tillering occurs after spikelet initiation. Short photoperiod also increased the number of days to tillering, but to a much lesser extent than low light intensity, from one to five days. All cultivars have a reduced number of spikelets in response to long photoperiod and low light intensity. Still more reduced is the number of grains on the main tiller: down to 34% in Pitic 62, and 66% in Skala compared to the respective figures under high light intensity. In Saratovskaya 29, the main tiller, when shaded, has no grains at all.

The results of our investigation suggest that the genetic system of response to light intensity, as well as the *Vrn* and *Ppd* gene systems, has a considerable and pleiotropic effect on the complex of adaptive and economically valuable traits, namely days to ear emergence, days to tillering, number of tillers and grains, the weight of spike grains.

## ИДЕНТИФИКАЦИЯ *Ppd* ГЕНОТИПОВ И АГРОНОМИЧЕСКИЕ ЭФФЕКТЫ ДАННЫХ ЛОКУСОВ У ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ

Файт В.И., Мартынюк В.Р., Стельмах А.Ф.

Селекционно-генетический институт УААН, Одесса, Украина

Доминантные аллели генов *Ppd* оказывают влияние на формирование и реализацию конечной продуктивности пшеничного растения посредством контроля этапов органогенеза. Изучение конгенных по локусам *Ppd1*, *Ppd2*, *Ppd3* линий в генофонде Мироновской 808 показало, что независимо от продолжительности фотопериода (12, 16, 20, 24 часа) указанные линии достоверно различаются между собой по признакам: высота растений, количество колосков и зерен главного колоса, а также массе 1000 зерен. Моногенно доминантный по локусу *Ppd3* генотип достоверно уступал остальным трем генотипам по массе зерна главного колоса и количеству зерен растения. Различия же по массе зерна, независимо от продолжительности фотопериода, оказались недостоверными. Прогрессивное сокращение фотопериода с 24 до 12 часов, при отсутствии какого-либо влияния на количество зерен главного колоса и растения, способствовало увеличению высоты растений и количества колосков главного колоса и параллельно приводило к достоверному уменьшению массы 1000 зерен, массы зерна главного колоса и всего растения.

В условиях осеннего посева в поле (Одесса) при наличии стрессовых условий (высокая температура воздуха и засуха во второй половине вегетации) доминантные аллели генов *Ppd* способствовали, как правило, достоверному снижению высоты растений, продуктивной кустистости и количества зерен главного колоса. У моногенно доминантных по локусам *Ppd1* или *Ppd3* генотипов наблюдалась тенденция к уменьшению количества колосков главного колоса и количества зерен растения. При этом последний генотип сформировал и наиболее тяжеловесный главный колос, и достоверно большую массу 1000 зерен. В среднем за три года наблюдается четкая тенденция уменьшения массы зерна с растения у моногенно доминантных *Ppd*-генотипов по сравнению с исходным сортом Мироновская 808. При этом, в зависимости от скороспелости линии, даты возобновления весенней вегетации озимых, времени начала и стрессового воздействия изменяются ранги конкретных генотипов по продуктивности.

Идентификация *Ppd* генотипов 27 сортов *Triticum aestivum* селекции СГИ и некоторых зарубежных сортов с использованием в качестве тестера конгенных по локусам *Ppd* линий в генофонде сорта Мироновская 808 позволила выявить пять генотипов из восьми возможных, исходя из случайного сочетания аллелей. При этом самой многочисленной оказалась группа сортов – рецессивов по анализируемой системе генов – 46,4±9,4% (Кооператорка, Мироновская 808, Одесская 3, Омская озимая, Ульяновка, Чайка, Bandit, Bovietus, Floria, LD-79, Vakka, Herzog, Orizon). Вторая довольно большая группа – сортаносители одного из трех доминантных аллелей *Ppd*. Однако, доля моногенно доминантных по локусу *Ppd2* сортов (Пересвет) или локусу *Ppd3* (Ольвия, Norin1, Донская полуинтенсивная) оказалась значительно меньше (3,6±3,5% и 10,7±5,8%, соответственно) доли моногенно доминантных по локусу *Ppd1* (Бригантина, Донецкая полукарликовая, Лан, Одесская 51, Одесская полукарликовая, Прибой, Скороспелка 3б, Федоровка, Эритроспермум 604) генотипов (35,7±9,1% от общего набора). Это связано с большой частотой использования в качестве одного из родителей, при создании изученных моногенно доминантных сортов, сорта Безостая1 и ее производных. И лишь сорт Triple Dirk C оказался носителем доминантных аллелей генов *Ppd2* и *Ppd3*.

## IDENTIFICATION OF *Ppd* GENOTYPES AND AGRONOMIC EFFECTS OF THESE GENES IN WINTER WHEAT

Feit, V.I., Martynyuk, V.R., Stelmakh, A.F.

Plant Breeding and Genetic Institute UAAS, Odessa, Ukraine

Dominant alleles of *Ppd* genes affect final yield formation and realization in wheat plant by controlling duration of ontogenetic stages. The study of congenic lines on three *Ppd* loci in Mironovskaya 808 background showed that (irrespective of used 12, 16, 20 and 24 hours photoperiods) they differed significantly in the traits: plant height, numbers of spikelets and grains in the main heads and 1000 grains weight. Monogenic dominant genotype *Ppd3* was inferior to three others in main head grain weight and in grain number of plant, however it didn't differ in plant grain weight. Progressive photoperiod shortening from 24 to 12 hours (not affecting grain number) promoted plant height and spikelet number increase and led to significant decrease of 1000 grain weights and plant grain weights.

At field sowing in the fall (Odessa, stresses of high temperature and drought after heading) dominant *Ppd* alleles promoted usually significant decrease of plant height, tillering and grain numbers. Monogenic dominant *Ppd1* or *Ppd3* genotypes revealed the tendency to decrease spikelet and grain numbers. However, the last genotype formed the heaviest main head and significantly higher 1000 grain weight. The obvious tendency of plant grain weight decrease was revealed in monogenic dominant *Ppd* genotypes on the average for 3 years when compared to initial Mironovskaya 808 cultivar. And certain genotypes ranges in yield, depending on line earliness, date of spring vegetation renewal, beginning date and duration of stress influence.

Identification of *Ppd* genotypes was carried out in 27 winter bread wheat cultivars bred at the Institute and in some foreign cultivars by using congenic lines as testers. It was revealed 5 genotypes from possible 8, on 3 genes with 2 alleles. Fully *ppd* recessive cultivars were the most frequent –  $46,4 \pm 9,4\%$  (Kooperatorka, Mironovskaya 808, Odesskaya 3, Omskaya winter, Ul'yanovka, Czayka, Bandit, Bovietus, Floria, LD-79, Vakka, Herzog, Orizon). Among monogenic dominant cultivars the share of *Ppd1* (Brigantina, Donetskaya semi dwarf, Lun, Odesskaya 51, Priboy, Skorospelka 3b, Phedorovka, Erythrospermum 604, Odesskaya semi dwarf) carriers in the total set was higher ( $35,7 \pm 9,1\%$ ) than ones of *Ppd2* (Peresvet) or *Ppd3* (Ol'via, Norin1, Donskaya semi intensive) carriers –  $3,6 \pm 3,5\%$  and  $10,7 \pm 5,8\%$ , respectively. These reflects the higher frequency of *Ppd1* carrier (Bezostaya1) usage in the pedigrees of studied cultivars. Digenic dominant Triple Dirk C line was the only carrier of *Ppd2* and *Ppd3* genes.

## ВЗАИМОСВЯЗЬ *Vrn*-ГЕНОТИПОВ С ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬЮ К СВЕТУ И СИЛКУ

Лбова М.И.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Цель исследования – определение взаимосвязи между чувствительностью к свету и требованием к яровизации и ее влияния на чувствительность к гормоноподобному веществу – силк и зависимость чувствительности к силку от *Vrn*-генотипов яровой пшеницы. Изучались изогенные по генам *Vrn* линии сорта Triple Dirk (TD). Линия TD-F была получена Н.П.Гончаровым и наряду с другими любезно передана нам для эксперимента. Растения выращивали в условиях длинного дня и высокой интенсивности освещения – (ВИО) и крайне низкой – (НИО). В каждом варианте росли яровизированные и без яровизации (б/Яр) растения. Яровизацию проводили в течение 30 дней (Яр30) при температуре +3°C в темноте и в течение 17 дней (Яр17) при температуре от -4°C до +12°C и естественном освещении января месяца. Семена при проращивании и растения перед кущением обрабатывали силком в дозе 0,001%. Силк получен В.А.Ралдугиным, В.М.Чекуровым и др. (патент 1809975) и изучен на сорте пшеницы Саратовская 29 в полевых условиях С.И.Сергеевой. В естественных условиях линии TD колосились одновременно. В искусственных условиях ВИО б/Яр продолжительность периода до колошения (ППК) линий соответствовала следующему порядку: TD-D < TD-E < TD-B < TD-F, то есть силе генов *Vrn1* < *Vrn3* < *Vrn2* < *Vrn4*. В условиях НИО б/Яр кущение начиналось после фазы «выход в трубку». Начало колошения задерживалось в меньшей степени, чем кущение. Установлено, что чувствительность к НИО б/Яр выше у чувствительных к Яр линий, чем у не чувствительной линии TD-D (или слабо чувствительной). Изменения ППК каждой линии и между линиями зависели от увеличения периодов до колошения различных *Vrn*-генотипов. При НИО+Яр30 чувствительность к НИО и к Яр не наблюдали. Яр нивелировала чувствительность к НИО, и свет нивелировал чувствительность к Яр. Обнаружена взаимосвязь между чувствительностью к Яр и к НИО, которая отражает, вероятно, эффект генов *Vrn*. На основе установленной взаимосвязи изучалось влияние обработки силком. При НИО Яр30+силк отмечено отсутствие влияния силка на изменение ППК, по сравнению с НИО+Яр30. Низкая температура и освещение нивелировала отзывчивость на силк. При обработке силком и условиях ВИО б/Яр, Яр17 и Яр30 отмечена тенденция уменьшения ППК, а в единичных случаях – уменьшение по сравнению с контролем. При ВИО б/Яр+силк число продуктивных стеблей и масса зерна с растения увеличивалась в каждой линии и между линиями соответственно увеличению периодов до колошения различных *Vrn*-генотипов. Улучшение освещения значительно увеличивало отзывчивость на обработку силком, что было выражено при ВИО б/Яр. Установлена взаимосвязь между *Vrn*-генотипами и чувствительностью к Яр и НИО при пороге чувствительности к НИО. Установлено, что лучшая отзывчивость на обработку силком бывает при ВИО б/Яр. Отзывчивость на силк зависит от *Vrn* – генов, контролирующих изменение периодов до кущения и до колошения и выражение признаков продуктивности растений пшеницы.

**INTERCONNECTION OF *Vrn*-GENOTYPES WITH SENSITIVITY TO LIGHT AND TO SILK***Lbova, M.I.*

Institut of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

The aim of our study was to determine interconnection between vernalization requirement and light sensitivity of isogenic lines of wheat variety Triple Dirk and its influence on the hormone-like substance "silk" sensitivity and dependence of silk sensitivity on *Vrn*-genotypes. Isogenic lines for genes *Vrn* of variety Triple Dirk (TD) were studied. TD-F line was received by N.P.Goncharov and, alongside with other TD lines, kindly provided for our experiment. The plants were grown at long day, high light intensity (HLI) and extremely low light intencity (LLI). Vernalized plants and non-vernalization (n/V) plants were grown in each variant. Vernalization at the temperature +3°C in darkness for 30 days (V30) and for 17 days (V17) at natural light in January and temperature from -4°C to +12°C was carried out. Silk treatment was conducted in 0,001% dose at seed germination and before the tillering stage. Silk was received by V.A.Ral'dugin, V.M.Checurov et al. (patent 1809975) and studied by S.I.Sergeeva on Saratovskay 29 wheat variety in field conditions. TD-lines headed simultaneously in natural conditions. In artificial conditions of HLI w/V the line continuance of the period to heading (CPH) corresponded to the following order: TD-D<TD-E<TD-B<TD-F, i.e. the strength of genes: *Vrn1*<*Vrn3*<*Vrn2*<*Vrn4*. The tillering stage was beginner after "stooling" stage at LLI w/V. The heading was detained in a smaller degree than tillering. LLI w/V-sensitivity of the lines vernalization requirement was higher than the insensitivity to V (or weak sensitivity) line TD-D. CPH change in each line and CPH difference between TD-lines depended on the increase of the time to heading of different *Vrn*-genotypes. At LLI+V30 sensitivity to LLI and to V of lines TD was not detected. The light levelled sensitivity to V and V levelled sensitivity to light. The interconnection between sensitivity to light and to V temperature was established which, probably, reflected *Vrn*-gene effect. Silk treatment was studied on the basis of the established relationship. The absence of silk influence was noted in LLI+V 30+silk conditions in comparison with LLI+V 30. Low temperature and light levelled the response on silk. The tendency of the decrease of CPH or in some cases – the decrement ones were detected at silk and HLI n/V, V17, V30 treatment. A number of productive stems and mass of grains from the plant in each line was increased at HLI n/V+silk in comparison with HLI n/V conditions. The changes between lines TD was corresponded at above to order of the periods to heading of different *Vrn*-genotypes at HLI n/V. Improved the light conditions increased the silk response that was expressed at HLI n/V+silk. It's established the interconnection of *Vrn*-genotypes with sensitivity to light and to V at the threshold of sensitivity to LLI. It's established that the better response on silk treatment of wheat plants had been at HLI n/V. The response on silk treatment depended on the *Vrn*-genes controlling the change of periods to tillering and to heading and also the expressing of productive wheat features .

## ТРАНСПИРАЦИЯ ФЛАГОВОГО ЛИСТА ИЗОЛИНИЙ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM L.*) В ФАЗЕ ФОРМИРОВАНИЯ ЗЕРНА

Гостенко К.Л., Рябушкина Н.А.

Институт физиологии, генетики и биоинженерии растений, Алматы, Казахстан

Устойчивые к засухе растения используют различные механизмы для поддержания своей жизнедеятельности и сохранения продуктивности. Важными среди них являются регуляция уровня устьичной проводимости, транспирации, а также площадь листьев, количество устьиц на их поверхности, ориентация листьев в пространстве. В фазе формирования зерна сравнивали выше перечисленные параметры у родительского сорта Омская 9 (*Triticum aestivum L.*) и 3 изолиний пшеницы лютесценс, полученных с помощью беккросов на основе сорта Омская 9 и несущих признаки движения листовых пластинок, в частности, «свертывание листьев» при действии экстремальных факторов среды, например водного дефицита. Измерения указанных параметров осуществляли с помощью steady-state порометра (Li-1600, Li-cor, Lincoln, Nebraska) с 9:00 до 15:00, на нижней стороне флагового листа, в безоблачные и безветренные дни. В первой половине формирования зерна самые низкие значения устьичной проводимости и транспирации обнаружены у линии, которая несколько опережала в своем развитии остальные варианты. К концу формирования зерна все линии и родительский сорт были на одинаковой фазе развития, но у сорта Омская 9 уровень транспирации и устьичной проводимости оказался достоверно выше. Родительский сорт достоверно отличался от одной из линий по количеству устьиц, а площадь флагового листа у него была достоверно меньше, чем у двух других линий. Сорт Омская 9 имел более низкий урожай по сравнению с линиями. Таким образом, связь между анатомоморфологическими особенностями растений пшеницы, уровнем транспирации и устьичной проводимости зависит как от генотипа, так и от стадии развития растений.

## TRANSPIRATION OF FLAG LEAF OF COMMON WHEAT LINES (*TRITICUM AESTIVUM* L.) DURING GRAIN FILLING STAGE

Gostenko, K.L., Ryabushkina, N.A.

Institute of Plant Physiology, Genetics and Bioengineering, Almaty, Kazakstan

Drought tolerant plants can use several mechanisms to maintain its normal physiological functions and the productivity under stress conditions. The most important among them are the regulation of stomatal conductance (Sc), transpiration rate (Tr), and also stomatal frequency, flag leaf area and the leaves orientation in space. These parameters were compared in the grain filling stage of parental cultivar Omskaja 9 (*Triticum aestivum* L.) and 3 common wheat lines with "rolling" leaves. Measurements were made with steady-state porometer (LI-1600, Li-cor, Lincoln, Nebraska) on the abaxial surface of flag leaf on cloudless and windless days in the field environments. In the first half of grain filling stage lowest indices of Tr and Sc were in line, which outstripped in its development of the other variants a little. At the finishing of grain filling stage all lines and parental cultivar were in an identical phase of development, but Tr and Sc of parental cultivar was significantly higher. Stomatal frequency of Omskaja 9 was significantly different from only one of lines, and the flag leaf area of this cultivar was significantly lower, than leaf area of two other lines. Cultivar compared to lines had lowest grain yield. Thus, relation among the anatomical, morphological and physiological features of wheat plants in many respects depends on both genotype and a stage of plant development.

## ИЗУЧЕНИЕ РЕЦЕССИВНЫХ АЛЛЕЛЕЙ *Vrn* У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Панкова К., Коснер Дж.

НИИ сельскохозяйственных культур, Прага – Рузине, Чехия

Различия в эффектах хромосом пятой гомеологической группы на стадии развития и хозяйственno-ценные признаки пшеницы были изучены с использованием реципрокных замещений хромосом у двух озимых сортов с различной потребностью в яровизации («Мироновская 808», «Безостая 1»), предположительно, имеющих различные рецессивные аллели *vrn*.

Анализируя эффекты хромосом пятой гомеологической группы, несущих локусы *vrn*, и сравнивая их по тому эффекту, который они оказывают на отзывчивость на яровизацию, мы пришли к выводу, что локусы *vrn* также влияют на стадии развития пшеницы (возможный плейотропный эффект генов *vrn*). Влияние замещений хромосом пятой гомеологической группы сорта «Безостая 1» хромосомами сорта «Мироновская 808» на рассматриваемые в комплексе хозяйственno-ценные признаки, было отмечено как: 5D>5B>5A при том, что замещения обеспечивали положительный эффект, позволяя предположить, что эти хромосомы сорта «Мироновская 808» имеют преимущество с хозяйственной точки зрения. Также были обнаружены некоторые указания на то, что проявление отдельных хозяйственno-ценных признаков, возможно, связано с отзывчивостью на яровизацию, а следовательно, с экспрессией генов *vrn*.

**STUDY OF WHEAT RECESSIVE LOCI *Vrn*****Pankova, K., Kosner, J.**

Research Institute of Crop Production, Prague – Ruzyně, Czech

The differences between effects of homoeologous group 5 chromosomes on growth stages and agronomic characters were studied by using reciprocal substitution lines between two winter wheat cultivars with different vernalization requirements (Mironovskaya 808, Bezostaya 1), in which the presence of different recessive *vrn* alleles is supposed.

We infer from the analysis of effects of homoeologous group 5 chromosomes which carry loci *vrn* and from comparing them to their impact on vernalization response that loci *vrn* also affect growth stages in wheat (possibly pleiotropic effect of genes *vrn*). Homoeologous group 5 chromosomes Mironovskaya 808 versus Bezostaya 1 influenced the combined agronomic traits in the order 5D>5B>5A, and a positive value of the difference suggests more advantageous content of chromosomes of Mironovskaya 808. It was also possible to find some indices in some agronomic traits supporting assumption that manifestation of these characters is possibly related to vernalization response, and thus to expression of the genes *vrn*.

## РОЛЬ РАЗЛИЧНЫХ МЕЖМОЛЕКУЛЯРНЫХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ В ФОЛДИНГЕ СУБЬЕДИНИЦ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО ГЛЮТЕНИНА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

*Березовская Е.В.<sup>1</sup>, Труфанов В.А.<sup>1</sup>, Пшеничникова Т.А.<sup>2</sup>, Майстренко О.И.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск, Россия;

<sup>2</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Нативный глютенин пшеницы представляет собой сложный комплекс различных по биохимической природе полипептидов, соединенных между собой разнообразными силами белок-белковых взаимодействий. Интерес к выявлению особенностей генетически детерминированного состава функциональных субфракций глютенина обусловлен их непосредственным участием в формировании белкового комплекса клейковины, определяющего в конечном счете хлебопекарные качества муки. На примере контрастных по качеству клейковины сортов Диамант 1 (Дм) и Новосибирская 67 (Н67) и их линий с межсортовым замещением отдельных пар хромосом 1-й и 6-й гомеологических групп нами изучен субъединичный состав трех функциональных субфракций глютенина: ГН-1, ГН-2, и ГН-3, экстрагированных из муки или отмытой клейковины последовательно 0,05 н. уксусной кислотой, 4M мочевиной, разрушающей водородные связи, и 4M мочевиной в присутствии 2-меркаптоэтанола, восстанавливающего S-S-связи. Методом одномерного ДДС-ПААГ-электрофореза по Леммли установлены различия в составе субъединиц глютениновых субфракций как в высокомолекулярных, так и в низкомолекулярных зонах спектра. Для труднорастворимых субфракций ГН-2 и ГН-3 пшеницы Дм с повышенной плотностью пространственной упаковки характерны субъединицы с молекулярной массой 83, 63 и 32 кДа, слабо выраженные в легкорастворимой субфракции ГН-1, а в наиболее агрегированной субфракции ГН-3 обнаружены субъединицы с молекулярной массой 50 и 45 кДа, практически не проявляющиеся в субфракции ГН-2. Особенности распределения субъединиц в спектрах субфракций пшеницы Н67 касаются в основном альбумино-подобных компонентов с приблизительной молекулярной массой 55 и 20 кДа. Наличие в составе высокоагрегированных субфракций ГН-2 и ГН-3 субъединиц альбуминовой природы, обогащенных остатками цистеина, может быть связано с их участием в постсинтетической укладке (фолдинге) и сборке глютениновых макроассоциатов посредством межмолекулярных S-S-связей, стабилизирующих структурный матрикс белкового комплекса клейковины. Это представление подтверждается результатами сравнительной оценки кинетических параметров агрегации клейковинных белков контрастных по качеству сортов и линий пшеницы с межсортовым замещением отдельных пар хромосом, контролирующих запасные белки.

## VARIOUS MOLECULAR INTERACTIONS IN FOLDING SOFT WHEAT FUNCTIONAL GLUTENIN

Berezovskaya, E.V.<sup>1</sup>, Trufanov, V.A.<sup>1</sup>, Pshenichnikova, T.A.<sup>2</sup>, Maystrenko, O.I.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS, Irkutsk, Russia;

<sup>2</sup> Cytology and Genetics Institute SB RAS, Novosibirsk, Russia

Native wheat glutenin is a complex set of biochemically diverse polypeptides connected by different forces of protein-protein interactions. Interest to identification of peculiarities of the genetically determined composition of glutenin functional sub-fractions is because of their immediate participation in the formation of the gluten protein complex which is responsible for flour baking properties. We used Diamant 1 (Dm) and Novosibirskaya 67 (N67) sorts contrasted by gluten quality, and their lines with inter-cultivar replacement of different chromosome pairs of homoeologous groups 1 and 6 for the study of the subunit composition of three glutenin functional subfractions: Glu-1, Glu-2, and Glu-3 extracted from flour or washed gluten in the following order: by 0,05 M acetic acid, 4 M urea destroying hydrogen links, and 4 M urea in the presence of 2-mercaptoethanol restoring S-S-links. One-dimension SDS-PAGE electrophoresis by Laemmli allowed us to identify differences in the subunits composition of glutenin subfractions both in HMW- and in LMW-zones of the spectrum. Hard-to-dissolve Glu-2 and Glu-3 subfractions of Dm wheat with increased density of space package would typically have subunits with the molecular mass of 83, 63 and 32 kDa, which are absent from the easy-to-dissolve subfraction Glu-1, most densely packaged Glu-3 subfraction contains subunits with molecular mass of 50 and 45 kDa, that are absent in Glu-2 subfraction. Features of subunits distribution in the spectra of N67 subfractions are largely observed in albumin-like components with respective molecular masses of 55 and 20 kDa. Presence of albumin-nature subunits enriched by cysteine remains in highly-aggregated Glu-2 and Glu-3 subfractions may be due to their participation in postsynthetic setting (folding) and association of glutenin macroassociates by inter-molecular S-S-links stabilizing the structural matrix of gluten protein complex. This assumption is confirmed by comparative evaluation of the kinetic parameters of aggregation of gluten proteins contrasted by the quality of cultivars and lines with inter-cultivar replacement of individual pairs of chromosomes that control storage proteins.

**ИЗУЧЕНИЕ МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ СОРТА САРАТОВСКАЯ 29 ПО ПРОДУКТИВНОСТИ И ТЕХНОЛОГИЧЕСКИМ СВОЙСТВАМ ЗЕРНА***Арбузова В.С., Ермакова М.Ф., Попова Р.К.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

У сорта Саратовская 29 (C29) с выдающимися хлебопекарными качествами муки и высокой засухоустойчивостью создана полная серия моносомных линий (Арбузова, Майстренко, 1986). Изучено влияние моносомного состояния на выраженность признаков, связанных с урожайностью и технологическими свойствами зерна в разные годы вегетации. К ним относятся масса 1000 зерен, твердозерность и физические характеристики теста. Анализ признака масса 1000 зерен показал, что в условиях засушливого года 50% линий по хромосомам 1A, 2B, 3A, 3B, 4A, 4B, 4D, 6B, 6D, 7A, 7B достоверно не отличались от сорта C29 (масса 1000 зерен 38,4 г). Другая часть линий имела показатели этого признака достоверно ниже, значения которых колебались от 31,2 г (5B) до 34 г (3D). В условиях влажного года моносомные линии – 2A, 2B, 2D, 4B, 4D, 5A, 5D, 7D достоверно не отличались от сорта C29 (масса 1000 зерен 31,7 г), в остальных линиях масса 1000 зерен колебалась от 26,5 г (5B) до 24,5 г (4A).

По хлебопекарным и мукомольным признакам (диаметр частиц муки, показатели альвеографа и фарингографа, хлебопекарные свойства) установлены эффекты моносомии для ряда хромосом. Установлен положительный эффект хромосомы 5D на крупообразующую способность муки. Так, в условиях влажного года средний размер частиц муки сорта C29 составлял 20  $\mu$ к, тогда как у моно 5D был 25  $\mu$ к. В условиях засушливого года показатели твердозерности увеличились, но соотношение их не изменилось (C29 21  $\mu$ к, моно 5D 26  $\mu$ к). Остальные моносомные линии достоверно не различались. Данные согласуются с результатами других авторов, полученными на замещенных линиях по хромосоме 5D (Mattern et al., 1974; Law et al., 1978). Анализ физических свойств теста на альвеографе и фарингографе и пробная выпечка хлеба показали значительное ухудшение этих показателей, особенно у моносомиков 1-й гомеологической группы. Так сила муки у моно 1D снизилась более чем в три раза (у C29 W=583 е.а., у моно 1D W=190 е.а.), упругость теста в два раза (P=152 мм – C29, P=77 мм – 1D). Кроме того, у этой линии уменьшилась водопоглотительная способность теста и устойчивость его к замесу. Объем хлеба (из 100 грамм муки) в моносомной линии 1D составил лишь 550 мл, тогда как у сорта C29 – 840 мл. Дозовый эффект хромосомы 1D у моносомной линии наблюдали и ранее (Welsh, Hehn, 1964; Майстренко, 1977). Положительный эффект по силе муки и упругости теста установлены в моносомных линиях 3B, 3D, 4D, а в линии 5D упругость не отличалась от сорта C29.

**A STUDY OF MONOSOMIC LINES OF THE WHEAT CULTIVAR SARATOVSKAYA 29 FOR YIELD AND BREAD-MAKING QUALITIES***Arbuzova, V.S., Yermakova, V.S., Popova, R.K.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

A full set of monosomic lines has been developed for Saratovskaya 29 (S29), famous for its outstanding baking properties and high draught resistance (Arbuzova, Maystrenko, 1986). The effects of the monosomic state on the expression of the traits related to yield and the technological properties of the grain were studied in different years. Those are the weight of 1000 grains, grain hardness and the physical properties of the flour. Analysis of the weight of 1000 grains demonstrated that in a hot dry year 50% of the lines for chromosomes 1A, 2B, 3A, 3B, 4A, 4B, 4D, 6B, 6D, 7A, and 7B did not differ significantly from S29 (the weight of 1000 grains was 38,4 g). In the other lines the figures on that index were significantly lower, with some varying between 31,2 g (5B) and 34 g (3D). In a wet year, the monosomic lines 2A, 2B, 2D, 4B, 4D, 5A, 5D, 7D did not differ significantly from S29 (the weight of 1000 grains was 31,7 g), this index varying in other lines between 26,5 g (5B) and 24,5 g (4A).

As to the bread-making and milling traits (flour particle size, alveograms and farinograms, bread-making properties), the following effects of the monosomic quality have been determined for some chromosomes. A positive effect of chromosome 5D on granule-forming of flour has been determined. In a wet year, an average granule size was 20  $\mu$ k in S29, and 25  $\mu$ k in mono 5D. In the hot dry years, grain hardness was increased, but the ratio remained the same (S29 21  $\mu$ k, mono 5D 26  $\mu$ k). The other monosomic lines did not differ significantly. These data are in a good agreement with other authors' observations on substitution lines for chromosome 5D (Mattern et al., 1974; Law et al., 1978). Analysis of the physical properties of dough on the alveograph and farinograph, and a trial baking session showed the loss of quality, especially in homoeologous group 1 chromosomes. Thus, the flour strength in mono 1D was reduced three-fold (in S29,  $W=583$  kJ; in mono, 1D  $W=190$  kJ), dough elasticity two-fold ( $P=152$  mm in S29, and  $P=77$  mm in 1D). Besides, the water absorbing capacity and mixing tolerance decreased. The volume of the bread (from 100 g of flour) in mono 1D was as low as 550 ml, while in S29 840 ml. The dosage effect of chromosome 1D in the monosomic line was observed earlier (Welsh, Hehn, 1964; Maystrenko, 1977). Improvements with respect to flour strength and dough elasticity have been noted in monosomic lines 3B, 3D, 4D, while in 5D elasticity was as in S29.

## ИЗУЧЕНИЕ ТВЕРДОЗЕРНОСТИ В ЛИНИЯХ ПШЕНИЦЫ САРАТОВСКАЯ 29 С МЕЖСОРТОВЫМ ЗАМЕЩЕНИЕМ ОПРЕДЕЛЕННЫХ ХРОМОСОМ

*Ефремова Т.Т., Ермакова М.Ф., Попова Р.К., Майстренко О.И.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, России

Одним из важных признаков качества зерна мягкой пшеницы, используемых при оценке его хлебопекарных и мукомольных свойств, является твердость зерна (Вавилов, 1935). Твердозерная пшеница дает муку высокого качества, состоящую из большого числа крупок, в результате чего мука получается крупнитчатой и рассыпчатой. Мучнистые сорта при помоле дают мягкую, крахмалистую муку (Майстренко и др., 1974). Известно, что главный ген *ha* (*hard*), влияющий на твердозерность, локализован в хромосоме 5DS (Law et al., 1978). Кроме того, на хромосомах 2A, 2D, 5B, 6D обнаружены четыре независимо наследуемых генетических фактора, влияющих на твердость зерна и три фактора совместного действия (Sourdille et al., 1996) на хромосомах 5A, 6D, 7A. При создании линий с межсортовым замещением хромосом пшеницы возможен перенос отдельных хромосом от сорта донора для улучшения желаемых признаков у сорта реципиента, в частности, повышение устойчивости к заболеваниям, улучшение качества зерна и урожая (Morris et al., 1966; Law, Worland, 1973; Майстренко, 1973).

Целью работы является изучение линий пшеницы Саратовская 29 (С29) с межсортовым замещением хромосом 5D и 5A по крупообразующей способности. Для анализа взяты образцы зерна трех линий с замещением хромосомы 5A от сортов доноров Ульяновка (Ул), Мироновская 808 (М808), Скороспелка 35 (Ск35) и 10 линий пшеницы С29 с межсортовым замещением хромосомы 5D (Ефремова, Майстренко, 1996). Донорами хромосомы 5D послужили твердозерные сорта – Новосибирская 67 (Н67), Гибрид 21 (Г21), Janetzkis Probat (JP), Атлас 66 (А66), и др.; мучнистые сорта – Ул, Chinese Spring (CS). Сорт С29 относится к твердозерным пшеницам с высокими хлебопекарными качествами. Величину удельной поверхности муки и средний размер ее частиц определяли на поверхностемере ПСХ-4 (Дундук и др., 1975). Результаты исследований показали, что две линии С29 8\*/Н67 5D, С29 8\*/А66 5D и их сорта доноры имели самые крупные размеры частиц муки (26–28  $\mu\text{m}$ ), превысив показатели реципиента С29 (размер частиц муки 22  $\mu\text{m}$ ). Относительной твердозерностью отличалось зерно как замещенных линий С29 8\*/Г21 5D, С29 8\*/JP 5D, С29 8\*/Грекум 114 5D, С29 8\*/М808 5D, С29 8\*/Диамант 5D, так и одноименных доноров (размер частиц муки 20–24  $\mu\text{m}$ ). Самая мелкая мука была получена из зерна замещенных линий С29 8\*/CS 5D и С29 8\*/Ул 5D (размер частиц муки 10–11  $\mu\text{m}$ ) и их донорских сортов, имеющих самые низкие показатели твердозерности (10–12  $\mu\text{m}$ ). В то же время у замещенной линии С29 по хромосоме 5A от донора Ул с мучнистым эндоспермом размер частиц муки был 23  $\mu\text{m}$  и практически не отличался от реципиента С29 (22  $\mu\text{m}$ ). Линии С29 8\*/М808 5A и С29 8\*/Ск35 5A имели зерно средней твердости. Полученные результаты подтверждают данные о влиянии хромосомы 5D на крупообразующую способность зерна, а линии с межсортовым замещением определенных хромосом можно использовать при изучении генетического контроля хлебопекарных и мукомольных качеств зерна.

**A STUDY OF GRAIN HARDINESS IN THE INTERVARIETAL CHROMOSOME SUBSTITUTION LINES OF SARATOVSKAYA 29**

Efremova, T.T., Ermakova, M.F., Popova, R.K., Maystrenko, O.I.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Grain hardness is an important character of grain quality in common wheat used in assessing its bread-baking and milling qualities (Vavilov, 1935). Flour produced from hard grain wheat is of the highest quality, with a lot of semolina, so that the flour is gritty. Flouly varieties are milled into mild, starchy flour (Maystrenko et al., 1974). As is known, a major gene, *ha* (*hard*), controlling grain hardness is located on chromosome 5DS (Law et al., 1978). Besides, four independently inherited genetic factors controlling grain hardness have been localised on chromosomes 2A, 2D, 5B, and 6D, and three, acting together, on chromosomes 5A, 6D, 7A (Sourdille et al., 1996). As intervarietal substitution lines are being developed, separate chromosomes may be transferred to the recipient to improve the target traits in it, in particular, disease resistance and, attaining better grain quality and crops (Morris et al., 1966; Law, Worland, 1973; Maystrenko, 1973).

The aim of the work is the study for the semolina forming ability of Saratovskaya 29 (S29) lines with the intervarietal substitution of chromosomes 5D and 5A. Grains of three lines with chromosome 5A replaced by those from Ulyanovka (Ul), Mironovskaya 808 (M808), and Skorospelka 35 (Sk35), and ten S29 lines with chromosome 5D from other wheat cultivars (Efremova, Maystrenko, 1996) were taken for analysis. The donors of chromosome 5D were hard grain varieties, Novosibirskya 67 (N67), Gibrid 21 (G21), Janetzkis Probat (JP), Atlas 66 (A66), and more; flouly cultivars, Ul, Chinese Spring (CS). S29 are hard grain wheats with prominent bread-making qualities. The specific flour particle surface and the average particle size was determined using a special device (Dunduk et al., 1975). Results suggest that S29 8\*/H67 5D, S29 8\*/A66 5D lines and their donor cultivars had the largest particles (26–28  $\mu\text{k}$ ), larger than those in the recipient cultivar S29 (particle size 22  $\mu\text{k}$ ). The relatively hard was grain in the S29 8\*/H21 5D, S29 8\*/JP 5D, S29 8\*/ Grekum 114 5D, S29 8\*/M808 5D, S29 8\*/Diamant 5D substitution lines, and their donors with the same names (with flour particles sizes 20–24  $\mu\text{k}$ ). The finest flour was produced from the S29 8\*/CS 5D and S29 8\*/Ul 5D substitution lines (flour particles sizes 10–11  $\mu\text{k}$ ) and their donor cultivars with the lowest grain hardness (10–12  $\mu\text{k}$ ). At the same time, in S29 with chromosome 5A from Ul with the flouly endosperm the particle size was 23  $\mu\text{k}$  and was essentially the same as that of the recipient S29 (22  $\mu\text{k}$ ). The grain hardness of S29 8\*/M808 5A and S29 8\*/Sk35 5A grain was average. Evidence of the effects of chromosome 5D on the semolina forming ability of the grain has been found, and the some intervarietal substitution lines can be recommended as the genetic control of bread-baking and milling qualities of grain.

## МНОЖЕСТВЕННЫЙ АНАЛИЗ СООТВЕТСТВИЙ В ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ: КОМПЬЮТЕРНАЯ ПРОГРАММА

Дудников А.Ю.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Множественный анализ соответствий используется для наглядного представления многомерных данных. Он сходен с методом главных компонент, но, в отличие от последнего, используется для анализа неколичественных данных, при этом непрерывные переменные также могут быть включены. «Облако» объектов в многомерном пространстве, сформированном переменными, проектируется на плоскость таким образом, чтобы визуализовать наиболее существенную часть имеющегося разнообразия.

Множественный анализ соответствий может быть полезен для анализа баз данных генетических коллекций (Dudnikov, 2000). При этом, например, линии или индивидуальные растения могут быть объектами, а признаки (как качественные, так и количественные) или генетические маркеры могут быть переменными, либо наоборот.

К сожалению, этот метод не включен в стандартные пакеты статистических программ. В этом сообщении будет представлена короткая и простая программа для персонального компьютера, написанная на Паскале.

### Литература

Dudnikov AJu (2000) Multivariate analysis of genetic variation in *Aegilops tauschii* from the world germplasm collection. Genet. Resour. Crop Evol. 47: 185-190

## MULTIPLE CORRESPONDENCE ANALYSIS IN GENETIC RESEARCH: A PROGRAM FOR PC

Dudnikov, A.Ju.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Multiple correspondence analysis is a method used for visualization of multivariate data. This method is akin to principal components analysis, but in distinction to the latter it is used for the analysis of nonquantitative data, permitting quantitative data to be included too. The "cloud" of objects in multidimensional space formed by variables is projected on the plane in order to visualize the main part of the variability.

Multiple correspondence analysis can be used for the study of germplasm collections databases (Dudnikov, 2000). For example, lines or specimens could be taken as objects, and traits (both polymorphic and quantitative) or genetic markers could be taken as variables, or *vice versa*.

Unfortunately, this method is not included into standard statistical packages. A short and simple program written in Pascal will be presented in this report.

### Reference

Dudnikov AJu (2000) Multivariate analysis of genetic variation in *Aegilops tauschii* from the world germplasm collection. Genet. Resour. Crop Evol. 47: 185-190

## ГЕНЕТИКА КАЛИЙНОГО ПИТАНИЯ ПШЕНИЦЫ

Гамзикова О.И., Митракова А.Г.

Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия

В настоящее время калий остается наименее изученным среди макроэлементов в аспекте генетической детерминации процессов поглощения и метаболизма ионов.

Нами установлено, что питание яровой мягкой пшеницы калием контролируется сложной аддитивно-доминантной системой генов, развернутой во времени и находящейся в сильной зависимости от факторов среды.

Анализ результатов многолетних лабораторных, вегетационных и полевых экспериментов с разнообразными генетическими моделями: дителосомными, замещенными, изогенными и аллоплазматическими линиями в режиме возрастающих уровней калийного питания позволяет прийти к следующим заключениям. В контроле за поглощением и распределением калия по растению участвуют как геном ядра, так и геном цитоплазмы. Признаки калийного питания пшеницы детерминируются большим числом хромосом, часть которых идентифицирована. Эти хромосомы принадлежат всем трем геномам гексаплоидной пшеницы и могут быть как общими, так и сортоспецифичными. Количественно оценен вклад определенных хромосом ядра и генофонда цитоплазм от конкретных источников в накопление сухого вещества, распределение калия по растению и «эффективность работы» единицы поглощенного калия почвы и удобрений. Установлено влияние отдельных генов на норму реакции мягкой пшеницы к условиям калийного питания, а, следовательно, и отзывчивости на калийные удобрения.

Полученная информация является основой для развития исследований в области селекции агрохимически-эффективных, в частности калий-эффективных, сортов на основе генетических подходов. Создание новых сортов, более эффективно усваивающих и утилизирующих элементы минерального питания, призвано решить комплекс проблем для улучшения экономической и экологической ситуации в технологиях растениеводства.

## GENETICS OF POTASSIUM NUTRITION OF WHEAT

*Gamzikova, O.I., Mitrakova, A.G.*

Novosibirsk State Agrarian University, Novosibirsk, Russia

Today potassium is the least studied among macroelements in aspect of genetic determination of ions uptake and metabolism processes.

We are established that the potassium nutrition of spring soft wheat is controlled by the complex additive-dominant gene system expended in time and being highly dependent upon environmental factors.

Results analysis of numerous laboratory, pots and field experiments with using of various genetic models (ditelosomic, substituted, isogenic and alloplasmic lines) in regime of increasing levels of potassium nutrition allow to make following conclusions. Nuclear genome as well as cytoplasm genome takes part in control on potassium uptake and distribution in plant. Features of potassium nutrition are determining by a large number of chromosomes, some of them are identified. These chromosomes belong to all three genomes of hexaploid wheat and can be as common as varietal. Contribution of some chromosomes of nuclear and cytoplasm genepools from concrete donors in dry matter production, distribution of potassium in plant, "efficiency of work" of assimilated potassium from soil and fertilisers are evaluated quantitatively. Effect of some genes on the reaction range of soft wheat on potassium nutrition conditions and, consequently, on the response on potassium fertiliser is established.

Obtained information is base for development of investigations in the field of breeding of agrochemically effective, in particular potassium-effective, varieties using genetic approaches. Creation of new varieties, more effectively in assimilation and utilization of mineral nutrient elements, will help to solve complex of problems for improvement of economical and ecological situations in plant growing technologies.

**Секция 4 / Session 4****СРАВНИТЕЛЬНЫЙ МОЛЕКУЛЯРНЫЙ И ГЕНЕТИЧЕСКИЙ  
АНАЛИЗ ГИБРИДНЫХ ЛИНИЙ *TRITICUM AESTIVUM* × *TRITICUM  
TIMORHEEVII*, УСТОЙЧИВЫХ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ**

Леонова И.Н.<sup>1</sup>, Калинина Н.П.<sup>1</sup>, Будашкина Е.Б.<sup>1</sup>, Родер М.С.<sup>2</sup>, Салина Е.А.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Institute for Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Germany

Бурая листовая ржавчина, вызываемая грибом *Russinia triticina* Erikss, является распространенным заболеванием пшеницы, приводящим к значительным потерям урожайности. Одним из способов борьбы с этим заболеванием является создание сортов, несущих гены устойчивости (*Lr*-гены). В настоящее время известно более сорока *Lr*-генов, однако большая их часть неэффективна и непригодна для селекции. В Институте цитологии и генетики (Новосибирск) создана коллекция цитологически стабильных линий гексапloidной пшеницы *Triticum aestivum*, содержащих гены устойчивости к бурой ржавчине, перенесенных из генома тетрапloidной пшеницы *Triticum timopheevii*. Целью работы был анализ интрагрессивных линий 821, 837 и 842, полученных на основе сорта Саратовская 29 (С29), молекулярными и генетическими методами. Хромосомная локализация интрагрессированных участков генома *T.timopheevii* определена с помощью SSR-маркеров. В анализе использовано 128 маркеров, специфичных для А, В и D геномов и картированных на хромосомных картах мягкой пшеницы. Для оценки интрагрессии генома *T.timopheevii* эффективными оказались 105 маркеров. Показано, что у линии 821 интрагрессия произошла во вторую гомеологическую группу А и В хромосом и замещена теломерная часть длинного плеча 5A хромосомы. У линии 837 произошла аналогичная интрагрессия в 2A, 2B и 5A хромосомы и, по-видимому, полностью замещена хромосома 4B. У 842 линии геном *T.timopheevii* обнаружен только в 2A и 2B хромосомах. Гибридные линии характеризуются отличительными морфологическими признаками. Линии 821 и 837 в отличие от исходного сорта имеют остистый спельтоидный колос. Молекулярный анализ показал замещение теломерного участка длинного плеча 5A хромосомы, где расположены ген *B1*, ингибитор оствей, и фактор спельтоидности *Q*. Все гибридные линии имеют опушение листа, характерное для вида *T.timopheevii*. Поскольку общим для трех линий является интрагрессия в 2A и 2B хромосомы, высказано предположение, что у *T.timopheevii* ген *H1*, контролирующий опушение, находится на этих хромосомах. Анализ расщепления F<sub>2</sub> (поколения от скрещивания гибридов с исходным сортом) показал, что устойчивость, по-видимому, обеспечивается двумя доминантными генами с комплементарным взаимодействием. Интрагрессированные *Lr*-гены аллельны во всех трех линиях, что было показано при скрещивании линий между собой. Результаты анализа устойчивости к ржавчине в F<sub>2</sub> – поколении от скрещивания гибридов с тестерными линиями, содержащими эффективные *Lr*-гены – 9, 19, 23, 24, позволил предположить, что новые *Lr*-гены не идентичны известным эффективным генам мировой коллекции. Полученные данные позволяют сделать заключение, что линии, полученные на основе скрещивания *T.aestivum* × *T.timopheevii* содержат новые эффективные гены, определяющие устойчивость к бурой листовой ржавчине.

**COMPARATIVE MOLECULAR AND GENETIC ANALYSIS OF  
*TRITICUM AESTIVUM* × *TRITICUM TIMOPHEEVII* HYBRID LINES  
RESISTANT TO LEAF RUST**

Leonova, I.N.<sup>1</sup>, Kalinina, N.P.<sup>1</sup>, Budashkina, E.B.<sup>1</sup>, Röder, M.S.<sup>2</sup>, Salina, E.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;

<sup>2</sup> Institute for Plant Genetics and Crop Plant Research, Gatersleben, Germany

The brown leaf rust caused by the fungus *Puccinia triticina* Erikss is one of the most important disease producing annual yield losses in wheat worldwide. One strategy in breeding for disease resistance is the development of varieties by transferring resistance genes (*Lr*-genes) into bread wheat. More than 40 *Lr*-genes were described now, however a large part of them is ineffective and unsuitable for breeding processes. The collection of cytologically stable hexaploid wheat lines containing leaf rust resistance genes introgressed from tetraploid wheat *Triticum timopheevii* has been established in Institute of cytology and genetics, Novosibirsk. The main objective of the study was the analysis of introgressed lines 821, 837 and 842 developed on the base of Saratovskaya 29 (S29) by molecular and genetic methods. Chromosomal localization of introgressed parts of the *T.timopheevii* genome was determined by the use of SSR-based technique. There were analyzed microsatellite markers for A, B and D genomes with known map position in bread wheat. It was demonstrated that out of 128 markers 105 markers were effective for the estimation of the introgression of the *T.timopheevii* genome. In line 821 an introgression occurred into homoeological group 2A and 2B chromosomes and into the telomeric part of 5AL chromosome. In line 837 there occurred a similar introgression into chromosome 2A, 2B, and 5A and also chromosome 4B was entirely substituted. In line 842 an introgression was found in chromosome 2A and 2B. The selection for leaf rust resistance resulted in the development of lines with distinguishing morphological traits. The 821 and 837 lines possess the awny speltoid-like spikes. These were explained by the substitution of telomeric region of S29 5AL chromosome by the homoeological region from *T.timopheevii*. It is known that awn inhibitor *B1* and spelt factor *Q* are localized in these region. Leaf hairiness in all three lines, a trait characteristic of *T.timopheevii*, may be explained by the introgression of *H1* gene of *T.timopheevii* into 2A or 2B chromosome of S29. Segregation analysis of crosses of hybrid lines with the initial variety S29 demonstrated that leaf rust resistance may be provided by two dominant *Lr*-genes with complementary action. Furthermore segregation data of F<sub>2</sub> progeny of intercrosses between hybrid lines suggested that introgressed *Lr*-genes were allelic in all the three lines. *Lr*-genes from *T.timopheevii* were not identical to the known effective *Lr*-genes such as *Lr9*, *Lr19*, *Lr23*, *Lr24*. The data allow to conclude that hybrid lines contain new effective leaf rust resistance genes introgressed from tetraploid wheat *T.timopheevii* into bread wheat and the use of these lines in breeding programmes may significantly contribute to wheat improvement.

## МАРКИРОВАНИЕ ГЕНОВ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К ЯРОВИЗАЦИИ

Балашова И.А.<sup>1</sup>, Сиволап Ю.М.<sup>1</sup>, Файт В.И.<sup>2</sup>, Стельмак А.Ф.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Южный биотехнологический центр в растениеводстве УААН, Одесса, Украина;

<sup>2</sup> Селекционно-генетический институт УААН, Одесса, Украина

Идентификация *Vrn*-генотипов у сортов мягкой пшеницы (Stelmakh, 1990) и определение величин генетических эффектов локусов *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1* (Stelmakh, 1993) создали возможность для целенаправленного манипулирования генетическим разнообразием по системе генов *Vrn* исходя из целей и задач селекции. Использование *Vrn*-локусов в селекционных программах встречает затруднения в связи со сложностью отбора продуктивных *Vrn*-генотипов по фенотипу. В связи с этим существует необходимость надежного маркирования *Vrn*-локусов методами молекулярно-генетического анализа, а также применение этих методов для идентификации интrogессированных в пшеничный геном локусов ярового типа развития от близкородственных видов.

RAPD-анализ проводили на ДНК конгенных по локусам *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1* линий в генофоне четырех сортов озимой пшеницы: Мироновская 808, Одесская 16, Скороспелка 3б, Triple Dirk. У моногенно доминантных по локусу *Vrn-D1* линий, независимо от генофона, обнаружен полиморфный фрагмент ДНК величиной 657 н.п.. Возможность использования данного полиморфного ампликона ДНК в качестве молекулярно-генетического маркера гена *Vrn-D1* получила подтверждение по результатам RAPD-анализа ДНК нескольких коммерческих сортов пшеницы различного эколого-географического происхождения, являющихся носителями указанного доминантного аллеля, а также по RAPD-анализу ДНК растений популяции *F<sub>2</sub>*, полученной от скрещивания яровой моногенно доминантной по локусу *Vrn-D1* линии и ее рекурентного родителя сорта озимой пшеницы Мироновская 808. Фрагмент-маркер стабильно присутствует на электрофорограммах продуктов амплификации только у сортов-носителей доминантных аллелей *Vrn-D1*, независимо от наличия/отсутствия в их генотипах доминантных аллелей других генов. RAPD-анализ растений популяции *F<sub>2</sub>*, по показателю присутствие/отсутствие маркера соответствует теоретически ожидаемому расщеплению 3:1, что совпадает с результатами гибридологического анализа по типу развития (яровость-озимость). Частота рекомбинации ДНК-маркера с локусом *Vrn-D1* составляет 3%, что свидетельствует о тесном их сцеплении между собой. Секвенирование ДНК-маркера позволяет подобрать пары праймеров для направленной ПЦР с помощью программы «Oligos». Рассматривается возможность их использования для маркирования локуса *Vrn-D1*.

Использование RAPD и SSR методов для идентификации генов ярового типа развития интrogессированных в пшеничный геном путем отдаленной гибридизации от *Secale cereale* (сорт Ленинградская яровая): *Vrn1Sc*, *Vrn2Sc*, *Vrn3Sc* аллельных пшеничным *Vrn-A1*; *Vrn-B1*; *Vrn-D1*, а также линии *Vrn6Sc*, имеющей локус ярового типа развития, неаллельный известным *Vrn*-локусам (Stelmakh, Avsenin, 1996), не дало положительных результатов. ISSR-анализ позволил выявить в спектрах продуктов амплификации полиморфный фрагмент ДНК величиной 1000 н.п. у яровой ржи сорта Ленинградская яровая и линии мягкой пшеницы *Vrn6Sc*-носителя локуса ярового типа развития неаллельного пшеничным *Vrn*-локусам.

## MARKERING OF GENES RESPONSIBLE FOR VERNALIZATION SENSITIVITY

Balashova, I.A.<sup>1</sup>, Sivolap, Yu.M.<sup>1</sup>, Feit, V.I.<sup>2</sup>, Stelmakh, A.F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> South Plant Biotechnology Center UAAS, Odessa, Ukraine;

<sup>2</sup> Plant Breeding and Genetics Institute UAAS, Odessa, Ukraine

*Vrn* genotypes identification in set of cultivars (Stelmakh, 1990) and determination of these loci genetic effects (Stelmakh, 1993) facilitated the purposeful manipulation of genetic variation in breeding programs. However the straight selection of certain *Vrn* gene (allele) carriers is rather difficult due to hardly distinctive phenotypes. Reliable molecular marking of *Vrn* loci may facilitate this selection and promote identification of alien introgressed loci as well.

RAPD analysis of DNA was carried out in congenic on *Vrn-A1*, *Vrn-B1* and *Vrn-D1* loci lines in the backgrounds of 4 winter bread wheat cultures: Mironovskaya 808, Odesskaya 16, Skorospelka 3b and Triple Dirk. Irrespective to background differences the polymorphic DNA fragments of 657 b.p. was discovered in monogenic dominant *Vrn-D1* lines. The possibility to use this polymorphic DNA amplicon as a molecular marker of *Vrn-D1* was confirmed by RAPD analysis of DNA in some commercial wheat cultivars of various geographic origin which were the carriers of dominant *Vrn-D1* allele. Additional confirmation was obtained by RAPD analysis of DNA in F<sub>2</sub> plants segregated from the cross of congenic *Vrn-D1* line to its recurrent winter cultivar of Mironovskaya 808. The marker fragment was constantly present in electrophoregrammes of amplification products from DNA of dominant *Vrn-D1* carriers only, irrespective of presence/absence of other dominant genes. F<sub>2</sub> segregation on marker presence/absence significantly corresponded to the ratio 3:1 and it almost fully coincided to the segregation on growth habit (spring:winter) with 3% recombination showing their close linkage. DNA-marker sequencing allowed to select the pairs of primers for the trended PCR by "Oligos" program. It is examined the possibility of their use for the *Vrn-D1* locus marking.

Analogous RAPD and SSR techniques were used for identification of spring habit genes which were introgressed into bread wheat from alien species and genera. We didn't succeeded yet in marking of *Vrn1Sc*, *Vrn2Sc*, *Vrn3Sc* (allelic to *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1* respectively) and *Vrn6Sc* (non-allelic to known in wheat genes, Stelmakh, Avsenin, 1996). However, the ISSR analyses promoted the revealing of high-molecular amplicon of 1000 b.p. in the spectra of reaction products in DNA of spring rye (Leningradskaya yarovaya) and introgressed wheat line carrying *Vrn6Sc* from that rye.

## ДЕТЕКЦИЯ ГЕНА КАРЛИКОВОСТИ *Rht 8* У СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ЮГА УКРАИНЫ

Чеботарь С.В.<sup>1</sup>, Корзун В.Н.<sup>2</sup>, Сиволап Ю.М.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Южный биотехнологический центр УААН, Одесса, Украина;

<sup>2</sup> Институт генетики растений и растениеводства, Гатерслебен, Германия

С целью установления распространения гена карликовости *Rht 8* среди украинских пшениц, а также у сортов пшениц зарубежного происхождения, использующихся в селекционных программах Селекционно-генетического института УААН (СГИ), проводили анализ микросателлитного локуса WMS 261 у 27 сортов мягкой пшеницы южно-украинской селекции, двух сортов Мироновского института пшениц и 22 сортов зарубежной селекции. Микросателлитный локус WMS 261 картирован на коротком плече 2D хромосомы на расстоянии 0,6 cM от гена *Rht 8* (Korzun et al., 1998).

Для анализа молекулярно-генетического полиморфизма гена *Rht 8* использовали полимеразную цепную реакцию с праймерами, разработанными к микросателлитному локусу WM S261 (Korzun et al., 1998). Детекцию фрагментов амплификации проводили на автоматизированном лазерном флюоресцентном (ALF) секвенаторе (Pharmacia) в условиях, описанных ранее (Korzun et al., 1998). В результате проведенного исследования установлено, что большинство сортов селекции СГИ имели аллель локуса WMS 261 – 192 п.н. В сорте Одом присутствовал аллель локуса WMS 261 – 174 п.н., что нетипично для *Rht 8* гена. Анализ сортов селекции СГИ показал, что в родословных генотипов, имеющих аллель 192 п.н., присутствовала Безостая I, которая, по данным Worland et al. (1998), позаимствовала, в свою очередь, ген *Rht 8* от японского сорта Akakkomugi. Установление в генотипах большинства сортов мягкой пшеницы селекции СГИ аллеля 192 п.н. локуса WMS 261, близко сцепленного с геном карликовости *Rht 8*, может свидетельствовать об адаптационной значимости гена *Rht 8* в условиях юга Украины. *Rht 8* является важным для южно-европейских пшениц геном, как альтернатива генам карликовости нечувствительным к гиббереллиновой кислоте.

## DETECTION *Rht 8* DWARFING GENE IN COMMON WHEAT VARIETIES OF SOUTH UKRAINE

Chebotar, S.V.<sup>1</sup>, Korzun, V.N.<sup>2</sup>, Sivolap, Yu.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> South Plant Biotechnology Center, Odessa, Ukraine;

<sup>2</sup> Institute for Plant Genetics and Crops Research., Gatersleben, Germany

For investigation distribution *Rht 8* dwarfing gene among common wheat in South Ukraine was analyzed microsatellite locus WMS 261 in 27 varieties South Ukrainian breeding and varieties that used in breeding program of Plant Breeding and Genetics Institute. (PBGI). Microsatellite locus mapped on the short arm 2D chromosome on 0,6 cM distance *Rht 8* (Korzun et al., 1998). For molecular-genetics analysis *Rht 8* it was used polymerase chain reaction (PCR) with primers that were constructed to locus WMS 261 (Korzun et al., 1998). Amplification fragments detected on laser fluorescent sequencer. It was found that majority of tested varieties carry allele 192 b.p. In variety Odom present allele 174 b.p. of WMS 261. Pedigree analysis show that in creation many of PBGI wheat varieties present genotype Besostaya 1. This variety according to Worland et al. (1998) has *Rht 8* from Japanese variety Akakkomugi. Existing 192 b.p. allele WMS 261 locus in majority common wheat varieties of South Ukraine permit to purpose adaptive value of *Rht 8* in this area. *Rht 8* gene is important for South European wheat as alternative to dwarf genes non sensitive to gibberellic acid.

## ПОЛУЧЕНИЕ ГЕНОМ-СПЕЦИФИЧНЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ВИДОВ *TRITICUM* НА ОСНОВЕ RAPD-АНАЛИЗА

Хлесткина Е.К., Салина Е.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Целью данной работы являлось выделение геном-специфичных маркеров из геномов тетраплоидных пшениц и их диплоидных доноров на основе RAPD-анализа. Проводилась полимеразная цепная реакция (ПЦР) на 20 видах и образцах, имеющих различное происхождение, родов *Triticum* и *Aegilops* при использовании 30 случайных праймеров. Полиморфные ПЦР-фрагменты выделялись и использовались в качестве меченых зондов в гибридизации с соответствующими RAPD-спектрами всех 20 образцов. На основе результатов гибридизации отбирались геном-специфичные и видо-специфичные маркеры. Из изученных таким образом RAPD-последовательностей 16 оказались геном-специфичными маркерами. Среди них 2 маркера, специфичных для А-генома, 1 – для В-генома, 5 – для G-генома, а также маркеры, специфичные сразу для двух геномов: для В и G – 4 маркера, для А и G – 1 маркер, для А и В – 3 маркера. Одна из проанализированных RAPD-последовательностей оказалась видо-специфичным маркером для *Aegilops speltoides*.

Все маркеры, выделенные из геномов полиплоидных видов, обнаруживались у одного или нескольких диплоидов. Вместе с тем, наблюдалось повышение (в 3 случаях) или снижение (1 пример) уровня амплификации RAPD-маркеров при переходе на аллополиплоидный уровень организации.

Полученные данные, во-первых, свидетельствуют в пользу того, что из всех эгилопсов секции ситопсис к В- и G-геномам полиплоидных пшениц наиболее близок *Aegilops speltoides*, а во-вторых, указывают на то, что в образовании В- и G-геномов полиплоидов участвовали образцы *Ae.speltoides*, имеющие различное географическое происхождение.

## DEVELOPMENT OF GENOME-SPECIFIC MARKERS FOR *TRITICUM* SPECIES ON THE BASIS OF RAPD ANALYSES

*Khlestkina, E.K., Salina, E.A.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

The objective of this work was to isolate genome-specific markers from tetraploid wheat genomes and their diploid donors on the basis of RAPD analyses. PCR was carried out on 20 different *Triticum* and *Aegilops* species and accessions using 30 random primers. Then, polymorphic PCR fragments were isolated, labelled and hybridized with correspondent RAPD patterns of the 20 species and accessions. Genome-specific and species-specific markers were selected on the basis of hybridization results. 16 of PCR fragments studied have been shown to be genome-specific markers. Among them 2 markers were specific for A genome, 1 for B, 5 for G. Also markers were identified, specific for two genomes simultaneously: for B and G (4 markers), for A and G (1 marker), for A and B genomes (3 markers). One of PCR fragments had been studied was species-specific for *Aegilops speltoides*.

Each of markers isolated from polyploid species have been shared by one or more diploid species. But increased amplification (in 3 cases) or, in contrast, decrease of amplification (1 example) of RAPD markers during allopolyploidization have been shown.

Data had been obtained supported *Ae.speltoides* to be more closely related to the B and G genomes of polyploid wheat species than other members of *Sitopsis* group. Also the data indicated that B and G genomes had originated from different accessions of *Ae.speltoides*.

## ИССЛЕДОВАНИЕ СЕРИИ МЕЖСОРТОВЫХ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM L.*) С ПОМОЩЬЮ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ

Песцова Е<sup>1</sup>., Салина Е<sup>2</sup>, Бёрнер А<sup>1</sup>, Корзун В<sup>1</sup>, Майстренко О.И<sup>2</sup>, Рёдер М.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт генетики растений (IPK), Гатерслебен, Германия;

<sup>2</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Микросателлитные маркеры были использованы для проверки серии межсортовых замещенных линий мягкой пшеницы Саратовская 29/ Янетцкис Пробат, созданной в лаборатории О.И.Майстренко на основе коллекции анеуплоидных линий Саратовской 29. При создании линий замещение каждой пары хромосом контролировалось только цитологическим анализом, в связи с этим для окончательного заключения о наличии или отсутствии смены хромосомы необходима дополнительная проверка с помощью молекулярных маркеров. Микросателлиты являются практически идеальными маркерами для анализа замещенных линий, ввиду значительного количества картированных на каждой хромосоме микросателлитов пшеницы и высокого полиморфизма данных маркеров, позволяющего идентифицировать сорта пшеницы.

Исследование замещенных линий (21 линия в соответствии с количеством хромосом пшеницы) проведено с помощью 172 микросателлитных маркеров. Девяносто пять маркеров (55%) выявили полиморфизм амплификационных фрагментов между сортами пшеницы Саратовская 29 и Янетцкис Пробат. Полиморфные маркеры найдены на длинных и коротких плечах всех хромосом, за исключением 4DS, 6DS и 7DS. Количество полиморфных маркеров варьировало для каждой хромосомы от 2 до 8.

Проведенный микросателлитный анализ подтвердил верность получения большинства замещенных линий, 17 линий из 21 выявляли ожидаемый спектр амплификационных фрагментов сорта-донора по соответствующим хромосомам. Оба плеча хромосом 1B и 7A, длинное плечо хромосомы 3A и короткое плечо хромосомы 6D выявляли спектр амплификационных фрагментов сорта-реципиента. Вероятно, в процессе получения этих линий произошел обмен хромосомы донора на гомологичную хромосому реципиента или замена одной хромосомы донора на другую. Полученные данные об ошибочном замещении ряда хромосом подтверждают необходимость проведения дополнительного анализа замещенных линий с помощью молекулярных маркеров.

Три микросателлитных маркера, локализованных в дистальных районах плечей хромосом 4AL, 3BS и 5BL также выявили амплификационные фрагменты сорта-реципиента в соответствующих замещенных линиях. Возможной причиной присутствия фрагментов ДНК сорта-реципиента в дистальных районах хромосом сорта-донора являются рекомбинационные события, которые, как известно, в дистальных районах хромосом происходят с более высокой частотой, чем в проксимальных.

**MICROSATELLITES CONFIRM THE AUTHENTICITY OF INTER-VARIETAL CHROMOSOME SUBSTITUTION LINES OF WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)**

Pestsova, E.<sup>1</sup>, Salina, E.<sup>2</sup>, Börne, r A.<sup>1</sup>, Korzun, V.<sup>1</sup>, Maystrenko, O.I.<sup>2</sup>,  
Röder, M.S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Germany

<sup>2</sup> Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Microsatellite markers were used to verify the authenticity of a set of inter-varietal wheat chromosome substitution lines Saratovskaya 29 / Yanetzkis Probat developed using Saratovskaya 29 as recipient variety. The set of substitution lines had been produced in the laboratory of Maystrenko O.I. (Novosibirsk, Russia) based on cytological markers and further testing with molecular markers was needed. Microsatellite markers provide an ideal tool for this purpose, because they are available for each wheat chromosome and detect a high level of polymorphism between closely related wheat varieties.

Out of 172 wheat microsatellite (WMS) markers tested, 95 (55%) revealed polymorphism between the varieties Saratovskaya 29 and Yanetzkis Probat. Polymorphic markers were found on all chromosome arms except 4DS, 6DS and 7DS. Each chromosome substitution line was tested by 2–8 microsatellite markers. The results demonstrated that most of the lines were correct. Seventeen of 21 lines showed the expected microsatellite pattern of the donor variety.

Two entire chromosomes 1B and 7A and two chromosome arms 3AL and 6DS were not substituted with Yanetzkis Probat in the respective lines. It is possible that “univalent shift” or “univalent switch” had occurred during the lines development. Three microsatellite markers located in distal regions of the chromosome arms 4AL, 3BS and 5BL in the corresponding substitution lines did not reveal the expected microsatellite pattern of the recipient variety. The probable reasons are recombination events which occur with higher frequency in terminal regions than in proximal regions of chromosomes.

## ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДА RAPD ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ ПЕРЕНОСА ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА ОТ ВИДОВ РОДА *AEGILOPS* В МЯГКУЮ ПШЕНИЦУ

Тырка М., Стефановска Г., Миазга Д.

Institute of Genetics and Plant Breeding, Agricultural Academy, Lublin, Poland

Цель данного исследования – подтвердить факт переноса генетического материала от *Aegilops ventricosa* и *Aegilops juvenalis* в мягкую пшеницу. Аллоплазматический гибридный материал получен путем многократного скрещивания этих видов с шестью сортами мягкой пшеницы. RAPD анализ проведен на 16-ти вариантах скрещиваний (поколения  $F_4$ – $F_6$ ) и на восьми родительских формах.

Фрагменты, характерные для *Ae.ventricosa* или *Ae.juvenalis*, но отсутствующие у родительских сортов мягкой пшеницы, рассматривались как *Aegilops*-специфичные. Воспроизводимость анализов, проведенных на базе отобранных праймеров, составила 79,9% (от 71,2% до 82,0%). Среди 61 полученного в данной работе фрагмента не отмечено ни одного мономорфного фрагмента. Число амплифицированных фрагментов на один праймер варьировало от одного до девяти (среднее 4,6). Принимая во внимание их размер, они дали от 8 до 20 полиморфных маркеров. Мы обнаружили четыре фрагмента, которые можно рассматривать как подтверждение интродукции чужеродной ДНК. Результаты показали, что два из восьми бандов, специфичных для *Ae.ventricosa*, присутствовали в комбинациях скрещиваний: [(*Ae.ventricosa* × «Грандур») × «Панда»] × «Берга» ( $G03_{580}$ ) и {[(*Ae.ventricosa* × «Грандур») × «Панда»] × «Арда»} × «Арда» ( $T02_{990}$ ). Выявлено девять фрагментов, специфичных для *Ae.juvenalis*, и один из них ( $J05_{420}$ ) присутствовал в скрещивании (*Ae.juvenalis* × CZR1406) × CZR1406 × CZR1406, в то время как второй,  $T02_{770}$ , наблюдался у потомков от скрещивания [(*Ae.juvenalis* × CZR1406) × «Панда»] × CZR1406. Присутствие этих фрагментов у гибридных линий дает основание предполагать, что произошла интродукция генетического материала от *Aegilops* в мягкую пшеницу. 4,5% от всех фрагментов, присутствовавших у проанализированных гибридов, составляли фрагменты, которые не амплифицировались у их родителей. Поэтому требуется провести дополнительный анализ (гибридизацию, сиквенс), чтобы подтвердить гомологию и геномную специфичность идентифицированных маркеров.

## THE USE OF RAPD METHOD FOR IDENTIFICATION OF ALIEN TRANSFER FROM *AEGILOPS* spp. TO COMMON WHEAT

Tyrka, M., Stefanowska, G., Miazga, D.

Institute of Genetics and Plant Breeding, Agricultural Academy, Lublin, Poland

The aim of presented study was to confirm the introduction of genetic material from *Aegilops ventricosa* and *Aegilops juvenalis* into common wheat. Alloplasmatic hybrid materials were derived from multiple crosses of these species with 6 wheat cultivars. RAPD analyses were performed on 16 cross combinations of F<sub>4</sub>-F<sub>6</sub> generations and 8 parental forms.

Bands present in *Ae. ventricosa* or *Ae. juvenalis* but absent in wheat parents were considered as *Aegilops* specific. Reproducibility of presented analyses based on selected primers was 79,9% (from 71,2% to 82,0%). No monomorphic bands among 61 fragments generated in this study were observed. Number of fragments amplified by single primer varied from 1 to 9 (mean 4,6). Taking into account their size they gave from 8 to 20 polymorphic markers. We found 4 fragments that can be considered as proofs of alien DNA introgression. Results showed that 2 out of 8 bands specifically amplified in *Ae. ventricosa* were present in cross combinations: [(*Ae. ventricosa* × Grandur) × Panda] × Begra (G03<sub>580</sub>) and {[*(Ae. ventricosa* × Grandur) × Panda] × Arda} × Arda (T02<sub>990</sub>). There were 9 *Ae. juvenalis* specific fragments and one of them (J05<sub>420</sub>) was present in cross combination (*Ae. juvenalis* × CZR1406) × CZR1406 × CZR 1406 while the second – T02<sub>770</sub> was observed in form [*(Ae. juvenalis* × CZR1406) × Panda] × CZR1406. The presence of these fragments in hybrid strains suggests introduction of genetic material from *Aegilops* to common wheat. We observed also 4,5% of fragments present in analysed hybrids that were not amplified in parents. This suggests that additional analysis as hybridization, digestion or/and sequencing are required to confirm homology and genomic specificity of identified markers.

**СЦЕПЛЕНИЕ НЕКОТОРЫХ ГЕНОВ В *TRITICUM MONOCOCCUM*****Кондратенко Е.Я., Коновалов А.А., Гончаров Н.П.**

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

*Triticum monosaccum* L. имеет ряд характеристик, которые выгодно выделяют этот вид: скороспелость, устойчивость к патогенам, высокое содержание белков, засухоустойчивость. Кроме того, эта пшеница является единственным возделываемым диплоидным видом и, следовательно, была подвергнута селекции. В задачу данного исследования входило изучить полиморфизм по ряду признаков, выделить формы, контрастные по этим признакам, изучить их наследование и попытаться найти сцепление между ними. Материалом для изучения послужили образцы из ряда коллекций: N.I.Vavilov Institute of Plant Industry (St.-Petersburg, Russia), Small Grains Collection (Aberdeen, USA) и ICARDA (Aleppo, Syria). Изучение коллекций в гидропонной теплице позволило разделить входящие в них образцы на яровые и озимые формы, изучить скорость протекания индивидуального развития, вычленить ультраскороспелые формы. Кроме того, было обращено внимание на морфологические признаки. Выполненные исследования позволили начать изучение генетики типа развития и создать фенотипическую коллекцию по морфологическим признакам. Для дальнейшей работы взяты образцы, контрастные по форме, опушеннности и цвету колоса, типу развития, а также аллельным вариантам глюкозофосфатизомеразы. Изученные F<sub>2</sub> гибриды получены от скрещивания следующих образцов: *Turartu* – к-33869 (Армения) имеет озимый тип развития, неопущенный (*hg*) белый колос (*Bg*), медленную (*ss*) подвижностью *Gpi1*; *Turartu* Jg-116196 – черная окраска колоса (*Bg*), опущенные колосковые чешуи (*Hg*), яровой тип развития (*Vrn*), ZZ – генотип по *Gpi1*; *Turartu* – Ig-45298, Ig-45287, Pi-418587 (*T.sinskajae*), Pi-306547, Pi-13962. У *T.monosaccum* выявлен моногенный контроль черной окраски колоса и опушения колосковых чешуй. У *T.sinskajae* также выявлен моногенный контроль ярового типа развития и формы колоса типа «*sinskajae*». Для последнего признака показано, что он контролируется рецессивным геном. Сцепление между *Bg* и *Gpi1* в комбинации скрещивания к-33869 *Turartu* × Jg-116196 *Turartu* – 13,11±5,81% ( $\chi^2$  для совместного наследования равен 21,49 P<0,001). Сцепление между *Hg* и *Gpi1* в комбинации скрещивания к-20741 *T.boeoticum* на Pi-306547 *T.monosaccum* – 18,52±6,63% ( $\chi^2$  для совместного наследования равен 13,84 P<0,001). Для пары Pi-418587 × Pi-13962 *T.monosaccum* у 95 растений не было обнаружено рекомбинации между генами *Hg* и *Bg*, что подтверждают данные об их очень тесном сцеплении. Полученные результаты можно суммировать следующим образом:

k-33869 <i>Turartu</i> × Jg-116196 <i>Turartu</i>	—	<i>Bg</i> – (13,11±5,81%) <i>Gpi1</i>
k-20741 <i>T.boeoticum</i> × Pi-306547 <i>T.monosaccum</i>	—	<i>Hg</i> – (18,52±6,63%) <i>Gpi1</i>
Pi-418587 <i>T.sinskajae</i> × Pi-13962 <i>T.monosaccum</i>	—	<i>Bg</i> – (0,0%) – <i>Hg</i>

**LINKAGE RELATIONSHIPS OF SOME GENES IN *TRITICUM MONOCOCCUM***

Kondratenko, E.Ja., Konovalov, A.A., Goncharov, N.P.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

*Triticum monococcum* L. has a number of characteristics that distinguish the species to a benefit from others. There are quick ripening forms, with pathogenic tolerance, high protein contents. Besides, it's the only diploid wheat species cultivated and, hence, was subject to breeding. The basic aim of this investigation was to study polymorphism on a number of traits, point out contrast forms, investigate their inheritance and try to find their linkage. Samples from a number of collections served as material of experiments: N.I.Vavilov Institute of Plant Industry (St.-Petersburg, Russia); Small Grains Collection (Aberdeen, USA) and ICARDA (Aleppo, Syria). Investigating the collections in the hydroponic greenhouse enabled to separate their samples into spring and winter ones, examine the intensity of individual development and choose out ultra-quick ripening forms. Besides, morphological traits were paid attention to. The investigations conducted afforded to begin the type's developmental genetics and create a phenotypical collection on morphological traits. For the further research samples contrast in form, hairiness and spike colour, type of development, and also glucosephosphateisomerase of allelic variants were taken. F<sub>2</sub> hybrids studied were obtained by means of crossing the following samples: *T.urartu* k-33869 (Armenia) has a winter type of development; non-hairy (*hg*) white spike (*bg*), slow (SS) mobility *Gpi1*; *T.urartu* Jg-116196, spike's black colouring (*Bg*), hairy spike glumes (*Hg*), spring time of development (*Vrn*), ZZ-genotype on *Gpi1*; *T.urartu* Ig-45287, PI-418587, PI-306547 and PI-13962. Monogenic control of spikes black colouring and hairy spike glume was revealed. Monogenic spring type control and spike form "sinskajae" was found out in *T.sinskajae*. For the latter trait, it was shown that it's controlled by the recessive gene. *Bg* and *Gpi1* linkage in the crossing combination of k-33869 *T.urartu* × Jg-116196 *T.urartu* was estimated as 13,11±5,81% ( $\chi^2$  for the combined inheritance is 21,49, P<0,001). *Hg* and *Gpi1* linkage in the combination of k-20741 *T.boeoticum* × PI-306547 *T.monococcum* was estimated as 18,52±6,63% ( $\chi^2$  for the combined inheritance is 13,84, P<0,001). No recombinations of *Hg* and *Bg* for crossing PI-418587 × PI-13962 *T.monococcum* were found in plants. This is proved by the data of their extremely close linkage. Total linkage data obtained are to be summarised in the following way: 1) k-33869 *T.urartu* × Jg-116196 *T.urartu*: *Bg-Gpi1*=13,11±5,81%; 2) k-20741 *T.boeoticum* × PI-306547 *T.monococcum*: *Hg-Gpi1*=18,52±6,63%; 3) PI-418587 *T.sinskajae* × PI-13962 *T.monococcum*: *Bg-Hg*=0,0%.

**МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ФОРМЫ ЛИПОКСИГЕНАЗЫ В ЗЕРНОВКАХ  
ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ *TRITICUM AESTIVUM L.***

*Пермяков А.В.<sup>1</sup>, Диденко С.Л.<sup>1</sup>, Труфанов В.А.<sup>1</sup>, Пищеничникова Т.А.<sup>2</sup>,  
Майстренко О.И.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup> Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск, Россия;

<sup>2</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Изучение физиологической функции липоксигеназы (Lpx, линолеат:кислород оксидоредуктаза, КФ 1.13.11.12) и ее молекулярных форм представляет интерес в связи с участием этого фермента в образовании супероксидных радикалов, способных окислять *in vivo* SH-группы запасных белков пшеницы с образованием внутри- и межмолекулярных S-S-связей, стабилизирующих структурный матрикс белкового комплекса клейковины. Ранее на основании данных по гибридизации с нуллисомными линиями Chinese Spring была установлена локализация генов липоксигеназы на хромосомах 4-й и 5-й гомеологических групп. На примере сортов Саратовская 29 (C29, сорт-реципиент) и Janetzkis Probat (JP, сорт-донор) и их линий с межсортовым замещением отдельных пар хромосом 4A, 4B, 4D, 5A, 5B и 5D нами изучены эффекты замещения по удельной активности этого фермента. При специфическом окрашивании Lpx йодкрахмальным реагентом в пластинках ПААГ как у исходных сортов, так и у всех замещенных линий (ЗЛ) идентифицированы три молекулярные формы фермента с относительными электрофоретическими подвижностями 0,38, 0,32 и 0,24. У всех ЗЛ в сравнении с сортом-реципиентом содержание белка в растворимой фракции зерновок было выше на 7–15%, а удельная активность Lpx – на 12–19% ниже, однако статистически достоверные различия в активности были выявлены только в случае линии C29/JP 4B. Так как по величине удельной активности и числу молекулярных форм Lpx сорта Саратовская 29 и Janetzkis Probat не различались, а у всех изученных ЗЛ значения удельной активности были ниже, чем у сорта-реципиента, можно предположить, что структурные гены этого фермента непосредственно не оказывают существенного влияния на активность. Поскольку регуляция активности Lpx носит полигенный характер, возможно, что в проявлении специфической активности важную роль играют гены-регуляторы, локализованные в хромосомах 4-й и 5-й гомеологических групп.

## MOLECULAR FORMS OF LIPOXYGENASE FROM SUBSTITUTED LINE GRAINS OF WHEAT *TRITICUM AESTIVUM L.*

Permyakov, A.V.<sup>1</sup>, Didenko, S.L.<sup>1</sup>, Trufanov, V.A.<sup>1</sup>, Pshenichnicova, T.A.<sup>2</sup>,  
Maystrenko, O.I.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS, Irkutsk, Russia;

<sup>2</sup> Institute of Cytology and Genetic SB RAS, Novosibirsk, Russia

The study of physiological function of lipoxygenase (Lpx, linoleate:oxygen oxidoreductase, EC 1.13.11.12) and her molecular forms is of interest in connection with participation of this enzyme in formation of superoxygen radicals, which capable to oxidize SH-groups of wheat storage proteins *in vivo* with formation of inter- and intramolecular S-S-bonds, stabilizing a structural matrix of protein complex of gluten. Earlier, on the base of the date on hybridization to Chinese Spring nullisomic-tetrasomic lines the localization of lipoxygenase genes was assigned on the chromosomes of homoeologous groups 4 and 5. On example of varieties Saratovskaya 29 (S29, variety-recipient) and Janetzkis Probat (JP, variety-donor) and their lines with intervarietal substitution of individual 4A, 4B, 4D, 5A, 5B and 5D chromosome pairs, we studied the effects of substitution on specific activity of this enzyme. With selective staining of Lpx by iodine-starch reagent in slab gel both at initial varieties and at all substituted lines (SL) it is three molecular forms of the enzymes with relative electrophoretic faculty 0,38, 0,32 and 0,24 were identified. Soluble fractions of grains of all SLs contained protein more on 7-15 per cent, and specific activity of Lpx less on 12-19 per cent than initial variety-recipient. But statistical differences in activity were founded only in case C29/JP 4A line. As varieties S29 and JP are not differed on specific activity value and number of molecular forms, and specific activity values of all SLs were less than at the variety-recipient, it may be suggest, that structural genes of this enzyme not influence on activity directly. So far as Lpx activity regulation is concerned with polygene speciality, it is possible that gene-regulators, arranged on the chromosomes of homoeologous groups 4 and 5, play an important role in displaying of specific activity.

## ХРОМОСОМНАЯ ЛОКАЛИЗАЦИЯ ЭСТЕРАЗНОГО ЛОКУСА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, ОРТОЛОГИЧНОГО ЛОКУСУ *Est5 AEGILOPS TAUSCHII*

*Дудников А.Ю.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Несмотря на детальное изучение полиморфизма эстераз у *Aegilops tauschii* Coss. (syn. *Aegilops squarrosa* L., genome DD, 2n=14), проведенное Jaaska (1980), одна из полиморфных эстераз листа не была замечена. Это произошло потому, что тот метод дикс-электрофореза в полиакриламидном геле, который использовал Jaaska (1980) для получения высококачественных фореграмм, не позволял выявить полиморфизм эстераз с низкой электрофоретической подвижностью. Это сделано позднее с помощью электрофореза в крахмальном геле, и медленная эстераза листа *Ae.tauschii* обозначена как *Est5* (Dudnikov, Goncharov, 1993).

*Est5* экспрессируется в листовой ткани *Ae.tauschii* на всех стадиях онтогенеза. Популяционно-генетическое исследование показало, что полиморфизм *Est5* вовлечен в адаптивный процесс внутривидовой дивергенции *Ae.tauschii* (Dudnikov, 1998). Было показано, что *Est5* – мономер. Также отмечено генетическое сцепление *Est5* с *Nadhd2*, еще одним фермент-кодирующим локусом *Ae.tauschii* с неизвестной хромосомной локализацией.

Электрофоретический анализ анеуплоидов сорта «Чайназ Спринг» позволил локализовать эстеразные локусы мягкой пшеницы, ортологичные локусу *Est5 Ae.tauschii*, в хромосомах 3AL и 3DL. Эти локусы обозначены как *Est-A10* и *Est-D10*. Экспрессия гена *Est-10* в геноме B сорта «Чайназ Спринг» не обнаружена, и это является существенным отличием *Est-10* от *Est-8*, еще одного гена эстеразы листа ранее локализованного в хромосоме 3L.

*Est-10* может служить генетическим маркером в геноме A мягкой пшеницы, поскольку нуль-allelль локуса *Est-A10* часто встречается среди ее сортов. Как и следовало ожидать, *Est-D10* кодирует изофермент аналогичный EST5<sup>170</sup>, аллозиму, характерному для *Ae.tauschii* ssp. *strangulata* – донора генома D мягкой пшеницы. Аллозимы EST5<sup>100</sup> и EST5<sup>66</sup> *Ae.tauschii* имеют более низкую электрофоретическую подвижность, чем изоизимы EST-10 «Чайназ Спринг», и могут служить в качестве легко выявляемых маркеров при интрогрессии генетического материала хромосомы 3L *Ae.tauschii* в мягкую пшеницу.

Возможно, ген *Nadhd2 Ae.tauschii* ортологичен гену мягкой пшеницы *Ndh-D3*, выявленному ранее методом изоэлектрофокусирования и локализованному в хромосоме 3L.

### Литература

- Dudnikov AJ (1998) Allozyme variation in Transcaucasian populations of *Aegilops squarrosa*. *Heredity* 80: 248-258
- Dudnikov AJ, Goncharov NP (1993) Allozyme variation in *Aegilops squarrosa*. *Hereditas* 119: 117-122
- Jaaska V (1980) Electrophoretic survey of seedling esterases in wheats in relation to their phylogeny. *Theor Appl Genet* 56: 273-284

## CHROMOSOMAL LOCATION OF ESTERASE GENE OF COMMON WHEAT, ORTHOLOGOUS TO *Est5* OF *AEGILOPS TAUSCHII*

Dudnikov, A.Ju.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

Despite of the thorough study of esterases polymorphism in *Aegilops tauschii* Coss. (syn. *Aegilops squarrosa* L., genome DD, 2n=14) carried out by Jaaska (1980), one of the polymorphic leaf esterases has fallen out of the consideration. It was due to the fact that the method of disk electrophoresis in polyacrylamide gel used by Jaaska (1980) in order to obtain perfect enzymogram quality did not reveal the polymorphism of the electrophoretically slow esterase isozymes. The latter was revealed with the help of starch gel electrophoresis and the electrophoretically slow leaf esterase of *Ae.tauschii* was designated as *Est5* (Dudnikov and Goncharov, 1993).

*Est5* is expressed in *Ae.tauschii* leaf tissue at all ontogenetic stages. Population genetic study revealed that *Est5* allele variation was involved into the adaptive process of *Ae.tauschii* intraspecies divergence (Dudnikov, 1998). *Est5* was found to be a monomer, and genetic linkage between *Est5* and *Nadhd2*, the other enzyme gene of *Ae.tauschii* with unknown chromosome location, was pointed out.

Esterase genes of *Triticum aestivum* orthologous to *Est5* of *Ae.tauschii* were localized in chromosomes 3AL and 3DL by electrophoretic analysis of cv. "Chinese Spring" aneuploids. They were designated as *Est-A10* and *Est-D10*. No indication was found that *Est-10* gene is expressed in the B genome of "Chinese Spring", and this is the marked difference between *Est-10* and *Est-8*, another leaf esterase genes known to be located in 3L chromosomes.

*Est-10* can serve as a genetic marker in *T.aestivum* genome A, since *Est-A10* null allele was found to be common among common wheat cultivars. As it could be expected, *Est-D10* of "Chinese Spring" produce the same esterase electrophoretic variant as *Est5*<sup>170</sup>, the common *Est5* allele of *Ae. tauschii* ssp. *strangulata* which is known to be the D genome donor to common wheat. Both *EST5*<sup>100</sup> and *EST5*<sup>66</sup> allozymes of *Ae.tauschii* are electrophoretically slower than *EST-10* isozymes of "Chinese Spring" and can serve as easily scored markers in introgression of *Ae.tauschii* 3L chromosome genetic material into common wheat.

*Nadhd2* gene of *Ae.tauschii* can be surmised to be orthologous to *Ndh-D3* of common wheat, which was revealed by isoelectric focusing method and is known to be located in chromosome 3DL.

### References

- Dudnikov AJ (1998) Allozyme variation in Transcaucasian populations of *Aegilops squarrosa*. Heredity 80: 248-258
- Dudnikov AJ, Goncharov NP (1993) Allozyme variation in *Aegilops squarrosa*. Hereditas 119: 117-122
- Jaaska V (1980) Electrophoretic survey of seedling esterases in wheats in relation to their phylogeny. Theor Appl Genet 56: 273-284

---

## ХРОМОСОМНАЯ ЛОКАЛИЗАЦИЯ ГЕНОВ ГИСТОНА H1 У МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

---

Дудников А.Ю., Горель Ф.Л., Бердников В.А.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Гистоновые белки связываются с ДНК эукариот, формируя хроматин. В отличие от четырех коровых гистонов, которые формируют базовую структурную единицу хроматина, нуклеосому, гистон H1 связывается с линкерной ДНК между соседними нуклеосомами, предположительно для того, чтобы поддерживать хроматин в компактном спирализованном состоянии. Обычно гистон H1 представлен набором молекулярных вариантов, или фракций, которые могут быть разделены с помощью гель-электрофореза. У растений фракции гистона H1 часто бывают представлены несколькими встречающимися в естественных природных условиях аллельными вариантами.

Ранее проведенные исследования гистона H1 у видов *Triticaceae* показали, что диплоидные виды имеют три фракции, и H1 у аллополиплоидов представляет собой сумму фракций всех компонентов генома. Однако, с помощью гибридизации клонированной ДНК гистона H1 пшеницы с геномной ДНК нуллитетрасомных линий сорта «Чайниз Спринг» только один гомеологичный набор генов гистона H1, *Hst1-A1*, *Hst1-B1*, *Hst1-D1*, был локализован в хромосомах 5A, 5B и 5D, соответственно. К сожалению, эти гены не были локализованы в плечах хромосом, а также не было никакой информации об их белковых продуктах.

Электрофоретический анализ 40 нулли-тетрасомных линий сорта «Чайниз Спринг» (все возможные комбинации, кроме N2A-T2B и N4D-T4B) и трех дителосомных линий (DT5AL, DT5BL и DT5DL), проведенный в данной работе, показал, что медленные электрофоретические фракции гистона H1 кодируются двумя наборами гомеологичных локусов, которые расположены в длинных плечах хромосом 5A, 5B и 5D. Мы обозначили их как *HstH1-A1*, *HstH1-A2*, *HstH1-B1*, *HstH1-B2*, *HstH1-D1* и *HstH1-D2*, соответственно. Локализация быстрой фракции, имеющей одинаковую подвижность у всех трех геномов, остается неизвестной.

Полиморфизм трех из шести локусов гистона H1, а именно, *HstH1-A2*, *HstH1-B2* и *HstH1-D1*, обнаружен в выборке из 21 сорта мягкой пшеницы. Таким образом, гистон H1 может использоваться как маркер в генетических исследованиях пшеницы. Генетическое картирование в будущем генов гистона H1 представляет интерес, поскольку они расположены в хромосомах 5L вместе с такими важными генами, как *Kr*, *Vrn*, *Fr* и *Ph1*.

**CHROMOSOMAL LOCATION OF HISTONE H1 GENES IN COMMON WHEAT***Dudnikov, A.Ju., Gorel, F.L., Berdnikov, V.A.*

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

Histone proteins are associated with DNA of eukaryotes to form chromatin. In contrast to four core histones, which form the basic structural unit of chromatin, the nucleosome, histone H1 associates with linker DNA between adjacent nucleosomes, presumably to keep chromatin in a compact helical state. Generally, histone H1 is represented by a set of molecular variants, or subtypes, which can be separated by gel electrophoresis. In plants, H1 subtypes are often found to be represented by a few naturally occurring allelic variants.

Previous studies of histone H1 of *Triticeae* species showed that the diploid species possess three subtypes, and H1 of the allopolyploids is the sum of subtypes of each genome component. However, by hybridizing the cloned wheat H1 histone DNA to genomic DNA of nullitetrasicomic lines of the cultivar "Chinese Spring" only three histone H1 genes, *Hst1-A1*, *Hst1-B1*, *Hst1-D1*, were localized to chromosomes of the homeologous group 5. Unfortunately, chromosomal arm location of these genes was not reported and there was no information on their protein products.

Electrophoretic analysis of 40 nullitetrasicomic lines of *Triticum aestivum* cv. "Chinese Spring", all the possible combinations except for N2A-T2B and N4D-T4B, and three available homoeologous chromosome group 5 ditelosomic lines, DT5AL, DT5BL and DT5DL, was carried out in this study. It was demonstrated that the slower electrophoretic subtypes of H1 are encoded by two sets of homoeologous loci residing in the long arms of chromosomes 5A, 5B and 5D. We designated them as *HstH1-A1*, *HstH1-A2*, *HstH1-B1*, *HstH1-B2*, *HstH1-D1*, and *HstH1-D2*, respectively. The location of the fastest H1 subtype with the same mobility in all three genomes remains unclear.

A sample of 21 cultivars of common wheat revealed polymorphism for 3 of 6 histone H1 loci, namely, *HstH1-A2*, *HstH1-B2* and *HstH1-D1*. Therefore, histone H1 can serve as a marker in genetic studies in common wheat. More accurate genetic mapping of H1 genes are of interest since they reside in the long arms of the homoeologous group 5 chromosomes, together with such important loci as *Kr*, *Vrn*, *Fr* and *Ph1*.

# СПЕКТРЫ ПРОЛАМИНОВ В ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЯХ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ, ПОЛУЧЕННЫХ НА ОСНОВЕ СОРТОВ С КОНТРАСТНЫМИ ХЛЕБОПЕКАРНЫМИ СВОЙСТВАМИ

Обухова Л.В., Майстренко О.И., Попова О.М., Генералова Г.В.,  
Ермакова М.Ф., Попова Р.К.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Исследовали сорта яровой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) Диамант 1 и Новосибирская 67 с контрастными показателями качества зерна, муки и хлеба, а также созданные на их основе Ольгой Ивановной Майстренко и Ольгой Михайловной Поповой замещенные линии Диамант 1/Новосибирская 67 по хромосомам 1A, 1B и 1D и нуллисомные ( $2n=40$ ) растения низкокачественного сорта-реципиента Диамант 1. У них изучены спектры запасных белков – высоко- и низкомолекулярных субъединиц глютенина. Этот уникальный генетический материал позволил нам идентифицировать состав субъединиц глютенина у обоих сортов с одновременной хромосомной локализацией кодирующих их генов и установить корреляции ранее изученных (Майстренко О.И., Ермакова М.Ф., Попова Р.К., 1993) физических свойств теста и хлебопекарных качеств описываемых сортов и замещенных линий с составом субъединиц глютенина.

## PROLAMIN PATTERNS IN COMMON WHEAT SUBSTITUTION LINES RAISED FROM CULTIVARS WITH CONTRASTING BREAD-MAKING QUALITIES

Obukhova, L.V., Maystrenko, O.I., Popova, O.M., Generalova, G.V., Ermakova, M.F., Popova, R.K.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

- Patterns of storage proteins – high- and low-molecular-weight glutenin subunits – were investigated in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties Diamant 1 and Novosibirskaya 67, contrasting in the quality of grain, flour, and bread, and in lines raised by O.I. Maystrenko and O.M. Popova: 1A, 1B, and 1D Diamant 1/Novosibirskaya 67 substitution lines and nullisomic ( $2n=40$ ) plants of the low-quality recipient variety. This unique genetic material allowed the authors to identify the patterns of glutenin subunits in both cultivars, to determine the chromosome location of genes coding for the subunits, and to establish correlations of the dough rheologic properties and bread-making quality of the considered cultivars and substitution lines with glutenin subunit patterns.

**ВЫСОКОМОЛЕКУЛЯРНЫЕ СУБЬЕДИНИЦЫ ГЛЮТЕНИНА  
У СОРТОВ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ, КУЛЬТИВИРУЕМЫХ  
В НОВОСИБИРСКОЙ ОБЛАСТИ**

*Обухова Л.В., Генералова Г.В., Майстренко О.И., Ермакова М.Ф.,  
Попова Р.К., Черный И.В., Гулевич В.В.*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

У сильных и ценных сортов яровой пшеницы, рекомендованных для возделывания в Новосибирской области, проведен анализ высокомолекулярных субъединиц глютенина (ВМСГ) – запасных белков, кодируемых локусом Glu-1 и влияющих на качество теста и хлеба. Средняя оценка по Glu-1 достаточно высока – 8 баллов. Два сорта, гетерогенных по составу ВМСГ, были разлинеены. Полученные линии размножены и проанализированы на продуктивность, морфологические признаки, качество муки, теста и хлеба. Показана необходимость мониторинга состава ВМСГ для гетерогенных сортов во избежание сдвига спектра ВМСГ в нежелательную сторону при неблагоприятных погодных условиях.

О.И. Ермакова, М.Ф. Ермакова, Р.К. Попова, И.В. Черный, В.В. Гулевич (Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия)

## HIGH-MOLECULAR-WEIGHT GLUTENIN SUBUNITS IN COMMON WHEAT CULTIVARS GROWN IN THE NOVOSIBIRSK REGION

Obukhova, L.V., Generalova, G.V., Maystrenko, O.I., Ermakova, M.F.,  
Popova, R.K., Chernyi, I.V., Gulevich, V.V.

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

High-molecular-weight (HMW) subunits of glutenin (storage proteins coded by the locus Glu-1 and affecting dough and bread quality) were analyzed in strong and valuable bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties grown in the Novosibirsk region. The average Glu-1 score for these varieties was as high as 8 points. Two cultivars heterogeneous for HMW glutenin subunits were separated into homogeneous lines. The lines were propagated and tested for performance; morphology; and flour, dough, and bread quality. It is shown that analysis of HMW subunit patterns is required for maintenance of the stability of heterogeneous cultivars under unfavorable climatic conditions in order to prevent the patterns from undesirable fluctuations.

**ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КАРТА РЖИ (*SECALE CEREALE L.*)**

*Корзун В.1, 4, Малышев А.В.2, Войлоков А.В.3, Смирнов В.3, Бернер А.1*

<sup>1</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Germany;

<sup>2</sup> Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus;

<sup>3</sup> St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia;

<sup>4</sup> Current address: Lochow-Petkus GmbH, PF 1197, D-29296 Bergen, Germany

Создана генетическая карта ржи включающая 139 рестрикционных фрагментов, 19 изоферментных и белковых маркеров, 13 микросателлитов, 11 последовательностей с известной функцией и два морфологических гена. В сумме карта охватывает 1063,4 См и состоит из 183 локусов. Эти локусы формируют 7 групп сцепления, представляющих 7 хромосом ржи. Размер групп сцепления варьирует от 118,9 См (хромосома 3R) до 205,6 См (хромосома 5R). Три немаркированных участка более 25 См отмечены на хромосомах 4R, 5R и 6R. В среднем генетическая карта содержит около 26 маркеров на хромосому, с максимумом в 38 маркеров на хромосоме 5R и минимумом, 19 маркеров, на хромосоме 3R. У 21 локуса (12%) отмечены существенные отклонения от ожидаемого расщепления 1:2:1 или 3:1 (критерий  $\chi^2$ ,  $P<0,05$ ). Более 50% этих локусов, проявляющих отклонения при сегрегации, были локализованы в двух доменах на хромосоме 4R в районе центромеры; один включал проксимальный участок короткого плеча, а второй домен находился в длинном плече, примерно в 40 См от центромеры. Еще один кластер обнаружен в дистальном районе хромосомы 5RL.

В дополнение к 183 маркерам, картированным с хорошей точностью, стало возможным отнести к конкретным районам хромосом 24 главных гена и 25 полигенов. Эти генетические локусы расставлены в наиболее вероятных позициях на хромосомах 1R (4 локуса), 2R (4 локуса), 4R (4 локуса), 5R (5 локусов), 6R (3 локуса) и 7R (4 локуса). Из 25 выявленных полигенов 12 обнаружены на хромосоме 5RL в районе расположения главного гена карликовости *Ddw1*, и определяют высоту растения, длину колосоножки, время цветения и компоненты продуктивности. Дополнительный кластер, состоящий из четырех полигенов, контролирующих время цветения и компоненты продуктивности, обнаружен в прицентромерном районе хромосомы 2R.

## A GENETIC MAP OF RYE (*SECALE CEREALE* L.)

Korzun, V.1, 4, Malyshev, S.2, Voylokov, A.V.3, Smirnov, V.3, Börner, A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), Gatersleben, Germany;

<sup>2</sup> Institute of Genetics and Cytology, Minsk, Belarus;

<sup>3</sup> St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia;

<sup>4</sup> Current address: Lochow-Petkus GmbH, PF 1197, D-29296 Bergen, Germany

A genetic linkage map of rye was developed comprising 139 RFLPs, 19 isozyme and protein markers, 13 microsatellites, 10 known function sequences and two morphological genes. In total the map spans 1063,4 cM and consists of 183 loci. These loci formed seven linkage groups representing the seven rye chromosomes. In size the linkage groups varied from 118,9 cM (chromosome 3R) to 205,6 cM (chromosome 5R). Three gaps greater than 25 cM were found on chromosomes 4R, 5R and 6R. On average the genetic map consists of about 26 markers per chromosome with a maximum of 38 on chromosome 5R and a minimum of 19 on chromosome 3R. Twenty-two loci (12%) deviated significantly from the expected 1:2:1 or 3:1 ratios ( $\chi^2$  test  $P<0,05$ ). More than 50% of the loci showing a distorted segregation were found to map in two domains on chromosome 4R in the centromere region including the proximal part of the short arm, and about 40 cM distal from the centromere on 4RL. A further cluster was identified in the distal region on chromosome 5RL.

In addition to the 183 precisely mapped markers 24 major genes and 25 QTL could be aligned to certain chromosome regions. The gene loci were placed in the most probable positions of chromosomes 1R (4 loci), 2R (4 loci), 4R (4 loci), 5R (5 loci), 6R (3 loci) and 7R (4 loci). Of the 25 QTL detected in total, twelve were found to map on chromosome 5RL in the region of the major dwarfing gene *Ddw1* and determine plant height, peduncle length, flowering time and yield components. An additional cluster consisting of four QTL controlling flowering time and yield components was discovered in the centromere region of chromosome 2R.

**ГЕНОМ-СПЕЦИФИЧНЫЕ СУБТЕЛОМЕРНЫЕ ПОВТОРЫ  
ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ИНТРОГРЕССИРОВАННЫХ ЛИНИЙ  
*T.aestivum × Ae.speltoides***

*Салина Е.А.<sup>1</sup>, Адонина И.Г.<sup>1</sup>, Ефремова Т.Т.<sup>1</sup>, Лапочкина И.Ф.<sup>2</sup>,  
Пшеничникова Т.А.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>2</sup> Институт сельского хозяйства Нечерноземной зоны России, Немчиновка, Московская обл., Россия

Геном-специфичные субтеломерные повторы *Spelt1* и *Spelt52*, маркирующие хромосомы *Ae.speltoides*, использовались для изучения одиннадцати интрагрессированных линий, полученных от скрещивания *T.aestivum × Ae.speltoides*, несущих ряд морфологических признаков от *Ae.speltoides*. Результаты, полученные методами squash и дот-гибридизации, показали, что *Spelt1* повторы выявляют генетический материал *Ae.speltoides* у шести интрагрессивных линий пшеницы. С помощью *in situ* гибридизации показано, что три из этих линий содержат от 1 до 2 субтеломерных блоков *Spelt1* повторов, интрагрессированных в геном мягкой пшеницы от *Ae.speltoides*. *Spelt52* повторы не выявлены ни у одной из изученных линий.

У пяти линий из 11 не обнаружено блоков повторов *Spelt1* и *Spelt52*. Такой результат говорит либо о переносе хромосомных плеч от *Ae.speltoides*, не несущих блоки *Spelt1* и *Spelt52*, либо об элиминации субтеломерных участков в процессе рекомбинации или по другим причинам при получении гибридных форм.

Полученные в нашей работе результаты показали, что наиболее удобным маркером генетического материала *Ae.speltoides* является семейство повторов *Spelt1*, так как оно локализуется почти на всех теломерах хромосом. Таким образом, интрагрессия теломерных районов хромосом *Ae.speltoides* сопровождается переносом блоков *Spelt1* повтора. В случае использования семейства *Spelt52* повторов вероятность идентификации хромосом уменьшается в связи с наличием блоков этого повтора не более, чем на пяти плечах хромосом гаплоидного генома.

## THE GENOME-SPECIFIC SUBTELOMERIC REPEATS FOR STUDY OF INTROGRESSION LINES *T.aestivum* × *AE. SPELTOIDES*

Salina, E.A.<sup>1</sup>, Adonina, I.G.<sup>1</sup>, Efremova, T.T.<sup>1</sup>, Lapochkina, I.F.<sup>2</sup>,  
Pshenichnikova, T.A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;

<sup>2</sup> Agricultural Research Institute of Central Regions of Non-Chernozem Zone, Nemchinovka, Moscow Region, Russia

The genome-specific subtelomeric repeats *Spelt1* and *Spelt52* of *Ae.speltoides* chromosomes were used for study of eleven introgression lines *T.aestivum* × *Ae.speltoides* carrying several morphological traits of *Ae.speltoides*. The results obtained by squash and dot hybridizations have demonstrated that the *Spelt1* marker was identified of the *Ae.speltoides* genetic material into six introgressed lines of wheat. In situ hybridization have shown three of them to contain from 1 to 2 subtelomeric blocks of *Spelt1* repeats per haploid genome introgressed from *Ae.speltoides* into the genome of soft wheat. Repeat *Spelt52* have not been detected in all studied lines.

Neither of repeats have been detected in five lines from eleven, suggesting that either the arms of *Ae.speltoides* lacking *Spelt1* and *Spelt52* blocks were transferred or the subtelomeric repeats were eliminated, for example, during recombination.

The results obtained demonstrate that the repeat family *Spelt1* is most convenient marker of *Ae.speltoides* genetic material, as it is located on almost all telomeres. For this reason, introgression of most *Ae.speltoides* telomeric regions is accompanied by transfer of *Spelt1* repeat blocks. In case, the repetitive family *Spelt52* is used as a marker, the probability of alien material to be identified is lower, as it is located not more than in five chromosome arms.

**Секция 5 / Session 5****ЭФФЕКТЫ ЧУЖЕРОДНЫХ ХРОМОСОМ НА УСТОЙЧИВОСТЬ  
МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ**

*Булойчик А.А., Борзяк В.С., Волуевич Е.А.*

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

В условиях Республики Беларусь из исследованных известных генов устойчивости пшеницы к бурой листовой ржавчине в последние годы проявляют эффективность только *Lr1*, *Lr9*, *Lr19* (Булойчик, Волуевич, 1997). В связи с этим особое значение приобретает поиск новых эффективных генов резистентности, в том числе среди различных видов злаков.

В лаборатории генетики фитоиммунитета ИГиЦ НАН Беларуси собрана коллекция 44-хромосомных линий, содержащих полный геном сорта Chinese Spring и чужеродную хромосому, привнесенную от 15 других видов злаков (ржи, пырея, ячменя, эгилопсов и др.). Эти линии были получены нами от ученых Великобритании, США, Франции и представляют оригинальный материал для исследования. Имеются также амфидиплоиды, включающие полные геномы мягкой пшеницы (сорт Chinese Spring) и другого вида злака.

Оценку устойчивости дополненных линий и амфидиплоидов проводили к 5 патотипам возбудителя бурой ржавчины на отрезках листьев 9-дневных проростков, используя бензимидазольный метод. Клоны патогена различались по вирулентности к изогенным линиям сорта Thatcher и сильно поражали сорт Chinese Spring.

Исследования показали, что хромосома 5S<sup>s</sup> вида *Aegilops searsii* несет ген (или гены) устойчивости к двум патотипам возбудителя бурой ржавчины. В то же время фактор (или факторы) резистентности, локализованные на этой хромосоме, не эффективны к трем другим клонам патогена. Амфидиплоид Chinese Spring × *Ae.searsii* был устойчив ко всем 5 клонам возбудителя болезни. По-видимому, некоторые гены резистентности вида *Ae.searsii* могут экспрессироваться только в присутствии других хромосом этого генома и не проявляются, если отдельные хромосомы эгилопса дополнены к геному мягкой пшеницы. Полную устойчивость к пяти клонам патогена обуславливала хромосома 6U, привнесенная от *Ae.umbellulata*, что свидетельствует о наличии на ней сильного гена (или генов) резистентности. Аналогичный эффект проявлялся и в присутствии хромосомы 6R<sup>m</sup> от вида *Secale montanum*.

Таким образом, из 78 оцененных на устойчивость дополненных линий мягкой пшеницы только три оказались резистентными. Причем, два вида *Ae.searsii* и *Secale montanum* ранее не использовались в селекции мягкой пшеницы в качестве источников генов *Lr*. В связи с этим можно предположить, что на хромосоме 5S<sup>s</sup> и 6R<sup>m</sup> локализованы новые гены устойчивости к возбудителю бурой ржавчины. Наибольшей эффективностью из них обладает ген (или гены) от ржи.

Работа выполнена при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (грант Б98М-085).

## ALIEN CHROMOSOME EFFECTS ON COMMON WHEAT RESISTANCE TO BROWN RUST

Buloichik, A.A., Borzyak, V.S., Voluevich, E.A.

Institute of Genetics and Cytology of NAS of Belarus, Minsk, Belarus

Among the studied genes of wheat resistance to leaf rust only *Lr1*, *Lr9* and *Lr19* display efficiency in current years under conditions of Republic of Belarus (Buloichik, Voluevich, 1997). In this connection, search for new effective genes of resistance, including different cereals species, takes a special significance.

A collection of 44-chromosome lines, containing a complete Chinese Spring genome and alien chromosome introduced from 15 cereals species (rye, couch-grass, barley, *Aegilops*, etc.), was made in the laboratory of phytoimmunity genetics of the Institute of Genetics and Cytology at National Academy of Sciences of Belarus. These lines were obtained from scientists of Great Britain, USA and France and are the original material for investigations. There are also amphidiploids, carrying the complete genomes of common wheat (cv. Chinese Spring) and genomes of other cereals species.

Resistance of additional lines and amphidiploids to 5 pathotypes of brown rust fungus was estimated in leaf cuts of 9-day seedling by using benzimidazolyl method. Pathogen clones were distinguished by virulence to Thatcher isogenic lines and affected greatly Chinese Spring.

The study has shown that chromosome 5S<sup>s</sup> of *Aegilops searsii* species carries the gene (or genes) of resistance to 2 pathotypes of brown rust fungus. At the same time, factor (or factors) of resistance localized on this chromosome is not effective to other 3 pathogen clones. Chinese Spring × *Ae.searsii* amphidiploid was resistant to all 5 clones of disease fungus. Obviously, some resistance genes of *Ae.searsii* species can be expressed only in the presence of other chromosomes of this genome and do not manifest themselves if individual *Aegilops* chromosomes are supplemented to common wheat genome. Complete resistance to 5 pathogen clones was due to chromosome 6U introduced from *Ae.umbellulata* that points to availability of resistance strong gene (or genes) from it. Similar effect was observed in the presence of chromosome 6R<sup>m</sup> from *Secale montanum* species.

So, of 78 additional lines of common wheat evaluated for resistance only 3 proved to be resistant. Two species, *Ae.searsii* and *Secale montanum* were not used earlier in common wheat breeding as sources of *Lr* genes. In this connection it may be assumed that new genes of resistance to brown rust fungus are localized on chromosome 5S<sup>s</sup> and 6R<sup>m</sup>. Gene (or genes) from rye exhibits the highest effectiveness.

The research work was supported by the Belorussian Republican Foundation of Fundamental Research (Grant B98J-085).

## ОТБОР НА ФОНЕ МУТАЦИЙ И РЖАНОЙ ЦИТОПЛАЗМЫ В ЛИНИЯХ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Тараканова Т. К., Коваль С. Ф., Федотова В. Д.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

В линиях диплоидных растений и животных, несущих полулетали, возможно появление и закрепление генетических изменений, компенсирующих негативные эффекты. Следствием этого может быть повышение жизнеспособности и продуктивности в ряду поколений. Наследственные факторы, отбирающиеся и закрепляющиеся на фоне полулетального аллеля, были названы В.А.Струнниковым компенсационным комплексом генов – ККГ.

Целью настоящей работы явилось изучение положительных ответов на фоне генетических и цитоплазматических факторов, депрессирующих морфологические признаки и продуктивность у аллогексаплоидной мягкой пшеницы. Аллогексаплоидный уровень мог менять возможности и скорости формирования ККГ по сравнению с диплоидным уровнем. Поэтому данные исследования представляли значительный интерес как с фундаментальной, так и с прикладной точек зрения.

В работе в качестве генетических факторов использованы две ядерные мутации: 1) полулетальная мутация «редукция листовых пластинок» – *r1b*, 2) мутация «хлорина». Мутация *r1b* введена в линию Новосибирской 67 в результате четырех беккроссов. «Хлорина» введена в 2 генотипа – Новосибирскую 67 и Саратовскую 29 также в результате четырех беккроссов. В качестве цитоплазматического фактора использована цитоплазма озимой ржи (линия ЦАНК 1В из коллекции С.Ф.Коваля).

Исследования показали, что максимальным уровнем депрессии по признакам продуктивности обладает мутация *r1b*, минимальным – «хлорина». В последнем случае уровень депрессии не зависит от генотипа, при этом из элементов главного колоса в большей мере затрагивается вес зерна. Именно этот признак и был использован при отборе на фоне данной мутации. В линиях с мутацией *r1b* отбор проводился на увеличение длины флагового листа и озерненность. На фоне ржаной цитоплазмы отбирались на увеличение озерненности, так как она характеризовалась большей индивидуальной изменчивостью. Эффективность отбора оценивали в полевом опыте относительно линий без отбора.

Проведенные исследования показали, что отбор на фоне депрессирующих факторов (мутаций *r1b* и «хлорина», ржаной цитоплазмы) у гексаплоидной пшеницы оказывается результативным. Эффективность отбора неодинакова для различных депрессирующих факторов: она наибольшая на фоне полулетали *r1b*. Проявление эффектов генетической компенсации существенно варьирует в зависимости от экологических условий. По предварительным данным, в состав генетических факторов, компенсирующих вредное влияние «депрессоров» могут входить: комплексы генов-модификаторов, включая адаптивно важные; микрохромосомы и неизученные факторы с резко выраженным компенсаторным эффектом. Выводы о генетической природе ККГ нуждаются в дополнительной проверке, для чего необходима постановка специальных экспериментов.

## SELECTION ON THE MUTATIONS BACKGROUND AND RYE CYTOPLASM IN COMMON WHEAT LINES

Tarakanova, T.K., Koval, S.F., Fedotova, V.D.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

In lines of diploid plants and animals carrying semilethals, appearance and fixation of genetic changes compensating their negative effects is possible. A consequence of this may increase viability and productivity for a number of generations. Hereditary factors selected and fixed against a background of a semilethal allele were called by V.A.Strunnikov the Compensation Gene Complex – CGC.

The goal of the present work was studying responses of allohexaploid common wheat to positive selection against a background of genetic and cytoplasmic factors depressing morphological traits and productivity. The allohexaploid level could change possibilities and rates of the CGC formation compared with the diploid level. So the present investigations were of considerable interest from both fundamental and applied points of view.

Two nuclear mutations: 1) the semilethal mutation "reduction of leaf blades" – *rlb*, 2) "*chlorina*"-mutation were used as genetic factors in the work. The *rlb*-mutation was introduced into line Novosibirskaya 67 as a result of 4 backcrosses. The "*chlorina*" was introduced into 2 genotypes – Novosibirskaya 67 and Saratovskaya 29 – as a result of 4 backcrosses, too. As the cytoplasmic factor, the cytoplasm of winter rye was used (the line CANK 1B from S.F.Koval's collection).

The research showed that the maximum level of depression for productivity traits was given by the mutation *rlb*, the minimum – by the "*chlorina*". In the latter case the depression level is independent of genotype. Therefore, the elements of the main head, grain weight is affected to a greater extent. Just this very trait was used in selection against the background of the mutation under study. In lines with the *rlb* mutation selection was carried out for increased flag leaf length and seed set. Selection was conducted for an increased seed set against the background of rye cytoplasm being characterized by greater individual variability. The efficiency of the selection was evaluated in a field experiment relative to lines without selection.

The performed research showed that selection against the background of the depressing factors (the *rlb*- and "*chlorina*"-mutations and rye cytoplasm) in hexaploid wheat turned out to be effective. The efficiency of the selection is unequal for different depressing factors: it is the highest against the background of the "reduction of leaf blades" semilethal. The manifestation of the genetic compensation effects substantially varies depending on ecological conditions. According to the preliminary data, there are complexes of modifier-genes, including adaptively important ones, microchromosomes, unstudied factors with a pronounced compensatory effect among the genetic factors compensating the adverse influence of the "depressors". The conclusions about the genetic nature of the CGC require additional testing for which mounting special experiments is needed.

## СФЕРОККОККОИДНЫЕ МУТАНТЫ: ЦИТОГЕНЕТИКА И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ

Мельник В.М., Янченко В.И.

Алтайский НИИ земледелия и селекции СО РАСХН, Барнаул, Россия

Среди различных типов мутантов большой интерес для изучения эволюции, частной генетики и селекции пшеницы представляют сферококкоиды, которые фенотипически имитируют шарозерную пшеницу *T.sphaerococcum* Pers.

После обработок мутагенами воздушно-сухих семян пяти сортов мягкой (*T.aestivum* L.) и одного сорта твердой (*T.durum* Desf.) пшеницы в АНИИЗиС получено 12 сферококкоидных мутантов. Возникновение мутантов данного типа отмечено только после воздействия химическими мутагенами (ГА, НММ, ЭМС).

Сферококкоидные мутанты сортов Скала и Саратовская 29 изучены нами более детально. Анализ электрофоретических спектров глиадина мутантов и исходных форм выявил их идентичность. Мейоз в МКП мутантов, исходных сортов и гибридов  $F_1$  между ними протекает нормально, без видимых нарушений и существенных различий. Число хромосом у всех мутантов было неизменным:  $2n=42$ .

Результаты гибридологического анализа свидетельствуют, что во всех случаях мутации сферококкоидности были ядерными и монолокусными, и наследовались по схеме с неполным доминированием (1:2:1). Тест на аллелизм выявил, что исследуемые сферококкоиды являются результатом мутационных изменений в одном из трех локусов: *S1*, *S2* или *S3*. С наибольшей частотой подобные изменения возникали в локусе *S1* хромосомы 3D.

Впервые проведена хромосомная локализация доминантных генов *S1*, *S2*, *S3* сферококкоидных мутаций в хромосомах 3D, 3B и 3A соответственно (Maystrenko et al., 1998), которые впоследствии были картированы с помощью молекулярных маркеров (Salina et al., 1999).

Возникновение мутаций по локусу *S* в разных геномах свидетельствуют об эквивалентности геномов в роде *Triticum* и служит иллюстрацией закона Н.И.Вавилова о гомологических рядах наследственной изменчивости в отношении индуцированных мутаций.

В селекционных программах по яровой твердой пшенице широко используются сферококкоидный мутант М-16219, имеющий высокое содержание белка и клейковины в зерне. С его участием получен перспективный селекционный материал. Эффективными в селекционной работе оказались сложные скрещивания и беккроссы, а также применение повторных мутагенных обработок.

## SPHAEROCOCCOID MUTANTS OF WHEAT: CYTOGENETICS AND USE IN BREEDING

Melnik, V.M., Yanchenko, V.I.

Altai Research Institute of Soil Management and Plant Breeding (ANIZIS), SB RAS,  
Barnaul, Russia

Sphaerococcoid mutants among diverse types of mutants are of great interest for evolution theory, genetics and breeding of wheat. They are phenotypically similar to *Triticum sphaerococcum* Pers.

In ANIZIS 12 sphaerococcoid mutants were developed due to mutagen treatment of air-dry seeds of five bread wheat varieties (*T. aestivum* L.) and one durum wheat (*T. durum* Desf.) variety. Mutants of the type was established only after the application of chemical mutagens (HA, NMU, EMS). Sphaerococcoid mutants of the varieties Skala and Saratovskaya 29 were evaluated more precisely.

Analysis of gliadin electrophoretic spectrums demonstrated the identity of mutants and original varieties.

Meiosis of the PMC of mutants, original varieties and F1 hybrids between them occurred in the normal way, without evident disturbances and essential differences. Number of chromosomes in all mutants was constant:  $2n=42$ .

Results of hybridological analysis pointed out that spaerococcoid mutations were nuclear and monolocus in all cases and were inherited by incomplete dominance (1:2:1).

Test for allelism clarified that sphaerococcoids studied were caused by mutant changes in one of the loci: *S1*, *S2* or *S3*. The changes were more frequent in *S1* locus of 3D chromosome.

The chromosome localization was carried out for the first time of genes *S1*, *S2* and *S3* for sphaerococcoid mutations in chromosomes 3D, 3B and 3A, correspondingly (Maystrenko et al., 1998), which lately were mapped using molecular markers (Salina et al., 1999).

Mutants observed in *S* locus of different genomes demonstrate the equivalence of the genomes in *Triticum* genera and serves as an example of the N.I.Vavilov's law of homologous rows in inherited variability in relation to induced mutations.

Sphaerococcoid mutant M-16219, which has high protein and gluten content in grain, is of wide use in durum wheat breeding programs. Promising breeding stock was developed with its participation. Complex crosses, backcrosses as well as the application of repeated mutagen treatment seemed to be fruitful in breeding.

# ВЛИЯНИЕ 7DL-7Ae#1 ТРАНСЛОКАЦИИ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К ФАКТОРАМ ВНЕШНЕЙ СРЕДЫ И КАЧЕСТВА ЗЕРНА У МЯГКОЙ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ

Сибикеев С.Н., Воронина С.А., Крупнов В.А.

НИИСХ Юго-Востока, Саратов, Россия

Большинство высокоэффективных генов устойчивости к листовой ржавчине перенесено в мягкую пшеницу из родственных видов и родов. В то же время использование этих транслокаций ограничено. Основные причины этого ограничения – сцепления с нежелательными признаками, которые влияют на устойчивость к факторам внешней среды и качества зерна. В этом сообщении рассматривается влияние 7DL-7Ae#1 транслокации, которая несет устойчивость к листовой ржавчине (ген *Lr19*) и стеблевой ржавчине (ген *Sr25*) от *Agropyrum elongatum* (Host) Beauv. Эта транслокация получена в 1966 году, но мало используется при выведении сортов мягкой пшеницы. Тем не менее, важность и значение использования ее в условиях России показаны успешным и широким распространением сорта Л503 в 4-х регионах, включая Поволжье и Урал. Эффекты этой транслокации изучались на почти изогенных парах линий Л359R (с *Lr19*) и Л359S (без *Lr19*). В течение шести лет (1993–1998 гг.) в условиях эпифитотии листовой ржавчины – 1993 и 1997 гг., а также при умеренных засухах – 1994 и 1996 гг. и жестоких засухах – 1995 и 1998 гг. Л359R по урожаю зерна была выше, чем Л359S. Среднее превышение урожая зерна устойчивого сибса над восприимчивым составило 15%. Таким образом, 7DL-7Ae#1 транслокация повышает урожай зерна как во влажных и благоприятных условиях, так и в засушливых. Эти данные расходятся с данными Singh et al. (1998), который показал уменьшение урожая зерна в условиях дефицита влаги, вызванные присутствием этой транслокации. Кроме того, присутствие 7DL-7Ae#1 транслокации, по нашим данным, увеличивало содержание белка. Среднее увеличение Л359R над Л359S составляло 0,5% за шесть лет (1993–1998 гг.) и, как следствие, увеличение сбора белка Л359R над Л359S на 20%. Некоторые авторы указывают, что транслокация 7DL-7Ae#1 удлиняет срок колошения на одну неделю, а созревание на 5 дней по сравнению с линиями, которые не несут ее. Тем не менее, в наших почти изогенных парах мы данного влияния не наблюдали. Обе линии выколашивались и созревали одновременно. Таким образом, сравнение почти изогенных линий с присутствием и отсутствием 7DL-7Ae#1 транслокации показало, что она не уменьшает засухоустойчивости и увеличивает урожай зерна как в благоприятные, так и в неблагоприятные годы, значимо увеличивает содержание белка в зерне и сбор белка с единицы площади. Некоторые расхождения с результатами ученых из CIMMYT (Singh et al., 1998) могут быть объяснены различиями в генотипах, на которых были созданы почти изогенные линии, и взаимодействиями между ними и изучаемой транслокацией.

## EFFECTS FROM 7DL-7Ae#1 TRANSLOCATION ON RESISTANCE TO ENVIRONMENTAL FACTORS AND GRAIN QUALITY OF BREAD WHEAT

Sibikeev, S.N., Voronina, S.A., Krupnov, V.A.

ARISER, Saratov, Russia

Among high effective genes for resistance to leaf rust the majority were transferred from alien genera or species related to bread wheat. At the same times the using of these translocations limited. The main causes of it limitation is association with undesirable factors which influenced on resistance to environmental factors and grain quality of bread wheat. In this report the effects of 7DL-7Ae#1 translocation which carry resistance to leaf rust (*Lr19*-gene) and steam rust (*Sr25*-gene) from *Agropyrum elongatum* (*Host*) Beauv. is considered. This translocation was obtained in 1966, but a few cultivars of bread wheat carry it. However, the importance and possibility to using it in the condition of Russia was showed by successfully widespread cultivar L503 in 4 regions involve Volga region and Ural region. The effect of this translocation was studied on NILs pairs L359R (with *Lr19*) and L359S (without *Lr19*). During six years (1993–1998) in the condition of: 1. epidemics of leaf rust – 1993 and 1997 years; 2. moderately droughts – 1994, 1996 years; 3. hard droughts – 1995 and 1998 years the L359R for grain yield was higher than L359S. The average deviation the resistance sibs from susceptible was 15% Thus, 7DL-7Ae#1 translocation increase grain yield as wet and favorable for bread wheat conditions, as in the drought condition. This data not agree with data Singh et al. (1998) which showed the decrease of grain yield in the moisture stress condition. Furthermore, the presence of 7DL-7Ae#1 translocation increase grain protein content. The average increase of L359R to L359S was 0,5% for six years (1993–1998), as consequence the average increase of grain protein yield of L359R to L359S was 20% Moreover, some authors indicated, that this translocation increased the lateness, namely the line with 7DL-7Ae#1 translocation was 1 weak later in heading and 5 days later in maturing compared with lines that did not carry it translocation. In our case these data not observed. The both lines was equal for above mentioned traits. Thus, the comparison of NILs with and without 7DL-7Ae#1 translocation lines showed that it not decrease drought resistance and increase grain yield as favorable as unfavorable condition, this translocation significantly increase the grain protein content and grain protein yield. The some contradictions with results from CIMMYT (Singh et al., 1998) may be explained the different genotypes of cultivars on which NILs were obtained and interactions between this translocation and gene background.

## ВЛИЯНИЕ ХРОМОСОМЫ 5A МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА ВЫРАЖЕННОСТЬ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ

Ковалева Н.М.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Материалом для работы послужил созданный в лаборатории О.И.Майстренко набор замещенных линий (ЗЛ), у которых хромосома 5A сорта реципиента мягкой пшеницы Саратовская 29 (С29) заменена соответствующим гомологом от озимых сортов-доноров различного географического происхождения. Задача эксперимента – изучение вклада хромосомы 5A мягкой пшеницы в реализацию семи количественных признаков, являющихся составными элементами продуктивности колоса (длина и число зерен лучшего колоса, масса одной зерновки и всего колоса) и всего растения (продуктивная кустистость, длина стебля и колосоножки). Результаты эксперимента показали, что ни одна из ЗЛ не уступала по общей продуктивности растения и массе зерна лучшего колоса сорту-реципиенту С29, который признан выдающимся по этим признакам. При сравнении ЗЛ с С29 выявлено, что при замещении 5A хромосомы от любого из восемнадцати сортов-доноров уменьшается длина колосоножки, а у пятнадцати сортов (кроме сортов Лютесценс 230, Мироновская 25 и Ульяновка) и длина стебля. Только у четырех сортов (Ильичевка, Ульяновка, Мироновская 11 и Пржевальская) хромосома 5A положительно влияет на продуктивную кустистость, а у остальных 14 сортов хромосома 5A не связана с этим признаком. При изучении признаков колоса показано, что длина колоса у половины изученных ЗЛ достоверно не отличается от таковой сорта-реципиента. В семи ЗЛ – С29/Костюжаны 4, С29/Аврора, С29/Альбидум 11, С29/Безостая 1, С29/Мироновская 10, С29/Dwarf, С29/Пржевальская – произошло достоверное укорочение колоса, а в трех ЗЛ – С29/Мироновская 25, С29/Мироновская 808 и С29/Мироновская Юбилейная – достоверное его удлинение. Относительно признака «число зерен колоса» установлено, что хромосома 5A восьми озимых сортов (Костюжаны 4, Мироновская Юбилейная, Ильичевка, Triple Dirk, Безостая 1, Dwarf, Мироновская 11 и Пржевальская) увеличивает этот показатель, причем у последних двух к тому же уменьшается масса зерновки. Таким образом, на основании проведенного исследования можно говорить о влиянии 5A хромосомы различных озимых сортов мягкой пшеницы на признаки, детерминирующие формирование общего габитуса растения пшеницы и его продуктивность.

## 5A CHROMOSOME INFLUENCE ON THE EXPRESSION OF QUANTITATIVE TRAITS IN COMMON WHEAT

Kovaliova, N.M.

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

A number of substituted lines (SL) have been developed in the laboratory of O.I.Maystrenko. Chromosome 5A of the recipient common wheat Saratovskaya 29 (S29) was substituted by the corresponding homologue from winter donors of different geographical origin. Chromosome 5A has contributed to the realization of 7 quantitative traits which are constituent elements of spike productivity (the length and grain number of better spike, mass of a grain and whole spike) and the whole plant (the productive tiller, the length of the stalk and spike stem). These were the aims of the experiment. The results have demonstrated that none of the SL was worse than better spikes according to "general spike productivity and grain mass" with regard to recipient S29 which is recognized as the best among all these traits. It is demonstrated that chromosome 5A of any of 18 donors reduced the length of spike stalk, so was with the stem of 15 donors except Lutescens 230, Mironovskaya 25 and Ulianovka. Chromosome 5A positively affects the tiller production only in Iljichiovka, Ulianovka, Mironovskaya 11 and Przhevalska. As for the rest of 14 cultivars, chromosome 5A is not connected with this trait. The study of spike production has demonstrated that the spike length, in fact, isn't different in half of SL from S29. The spike has shortened in fact in 7 SL - S29/Kostuzhani 4, S29/Avrora, S29/Albidum 11, S29/Bezostaya 1, S29/Mironovskaya 10, S29/Dwarf, S29/Przhebalskaya, and the spike has lengthened in 3 of the rest SL - S29/Mironovskaya 25, S29/Mironovskaya 808 and S29/Mironovskaya Ubileinaya. It is stated that chromosome 5A of 8 winter donors (Kostuzhani 4, Mironovskaya Ubileinaya, Iljichevka, Triple Dirk, Bezostaya 1, Dwarf, Mironovskaya 11 and Przhevalska) increases the spikes grain number but decreases grain mass of Mironovskaya 11 and Przhevalska. Thus, chromosome 5A of different common wheat winter cultivars influences the traits determining formation of general habitus of wheat plant and its productivity on the basis of the investigation conducted.

## УСКОРЕННОЕ СОЗДАНИЕ УСТОЙЧИВЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ К РЖАВЧИННЫМ И СЕПТОРИОЗНЫМ БОЛЕЗНЯМ МЕТОДОМ ГАПЛОИДНОЙ БИОТЕХНОЛОГИИ

*Анапияев Б.Б., Рсалиев Ш.Т., Сарбаев А.Т., Сатыбалдиев Д.Д.*

Институт физиологии, генетики и биоинженерии растений, Алматы, Казахстан

В настоящее время в связи с глобальным загрязнением окружающей среды требуется ограничить применение химической защиты сельскохозяйственных растений. Поэтому одной из актуальных задач современной селекции является создание сортов и форм растений, устойчивых к болезням и вредителям. В Казахстане распространены заболеваниями, встречающимися почти во всех регионах, возделывающих пшеницу, являются бурая, желтая, стеблевая ржавчина и септориоз, которые в годы эпифитотии вызывают снижение урожая до 30% и более. Из-за изменчивости патогена появляются новые расы, приводящие к активизации других генов вирулентности, поэтому перспективные сорта через некоторое время теряют свою устойчивость. В связи с этим необходимо непрерывно вести селекцию на устойчивость к болезням и вредителям сельскохозяйственных растений и особенно стратегически важной культуры – пшеницы.

В настоящее время для создания новых сортов и линий пшеницы в среднем требуется 10–12 лет. Для сокращения селекционного процесса и увеличения эффективности селекции в последнее время активно применяются биотехнологические методы, среди которых особое место занимает гаплоидная технология.

В работе приведены результаты исследования принципиальной возможности создания устойчивых линий и форм к биотическим стрессам с применением разработанной нами гаплоидной биотехнологии, а также селекции АДГ линий и контрольных сортов на устойчивость к наиболее распространенным заболеваниям – видов ржавчины (бурая, желтая и стеблевая) и септориоза. При исследовании дигаплоидов на устойчивость к различным видам возбудителей грибных заболеваний в двух областях Южного Казахстана, возделывающих пшеницу, выявлены устойчивые и перспективные номера АДГ линии к ржавчине (АДГ 1057, АДГ 1054, АДГ 1055, АДГ 1048) и септориозу (АДГ 1052, АДГ 1057, 1048, АДГ 1048, АДГ 1049, АДГ 1033, АДГ 1031, АДГ 1027), которые рекомендуются использовать в экологической селекции пшеницы на устойчивость к биотическим факторам окружающей среды.

## RAPID PRODUCTION OF WHEAT LINES RESISTANT TO RUST AND SEPTORYOZE DISEASES WITH THE METHOD OF HAPLOID BIOTECHNOLOGY

*Anapiyayev, V.V., Rsaliyev, S.T. Sarbayev, A.T., Satybaldiyev, D.D.*

Institute of Plant Physiology, Genetics and Bioengineering, Almaty, Kazakhstan

At present, in connection with global environment pollution it is required to limit the use of chemical protection of agricultural crops. Therefore, one of the topical tasks of contemporary selection is production of cultivars and lines of plants resistant to diseases and pests. The diseases widely spread in Kazakhstan – almost in all wheat cultivation regions are greyish-brown, yellow, stem rust and susceptibility to septoria which decreases the yield till 30% and more under epiphytotia. New races of pathogens are arising in the modification which activates other virulent genes. Therefore, promising cultivars lose their resistance to races of parasites virulent to them. In this connection a consistent selection of agricultural plants especially strategically important crop that is wheat resistant to diseases and pests is required. At present, 10–12 years on the average are needed for production of new cultivars and wheat lines. At last, the biotechnological methods are actively used, and among them the haploid technology has a particular place which reduces selection process and increases selection efficiency. In the present work results of research of principal opportunity to produce lines of wheat resistant to biotic stresses by the use of haploid technology which was developed by our scientific team are provided. Also the results of ADL-selection and control cultivars for resistance to most spread diseases that are kinds of greyish-brown, yellow, stem rust and septoryose were received. The promising ADL resistant to rust (ADL 1057, ADL 1054, ADL 1055, ADL 1048) and ADL resistant to septoryose (ADL 1052, ADL 1057, ADL 1048, ADL 1049, ADL 1033, ADL 1031, ADL 1027) were discovered and investigations of dihaploids for resistance to different kinds of fungi diseases in two wheat cultivation regions of south Kazakhstan. These ADLs are recommended to use in ecological selection of wheat for resistance to biotic factors of the environment.

**ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ,  
УСТОЙЧИВЫХ К МУЧНИСТОЙ РОСЕ ЗА СЧЕТ ГЕНОВ *AEGILOPS  
SHARONENSIS***

*Антонюк М.З., Вдовиченко Ж.В., Терновская Т.К.*

Институт агроэкологии и биотехнологии УААН, Киев, Украина

Создание сортов пшеницы, генетически защищенных от поражения болезнями, представляется одним из наиболее экологически перспективных путей предохранения растений от поражения фитопатогенами. Интродукция новых генов устойчивости в генетический пул мягкой пшеницы и изучение их эффективности против местных популяций патогена остается актуальной. Наша работа посвящена цитогенетическому изучению линий мягкой пшеницы, устойчивость к мучнистой росе которых определяется генами, перенесенными в геном мягкой пшеницы сорта Аврора от *Aegilops sharonensis* Eig в разном объеме генетического материала. Из линий, оцениваемых на устойчивость в течение 4-х последовательных лет, 16 было полностью устойчивых и 6 слабо восприимчивых (5–10%) в 1999 году. Среди линий не оказалось ни одной, полностью сходной с сортом Аврора. Три линии без явных чужеродных признаков морфологии колоса и стебля отличались от Авроры большей длиной стебля, более рыхлым колосом, увеличением числа колосков. По данным электрофореза зерновой эстеразы и пероксидазы, кислой фосфатазы и  $\beta$ -амилазы, 8 линий содержат хромосомы  $3S^l$  и  $4S^l$ , 2 линии – хромосому  $3S^l$  и 2 линии –  $7S^l$  или участки перечисленных хромосом с соответствующими генами. Для тестирования линий на подобие по характеру чужеродного включения генетического материала изучили мейоз в МКП гибридов  $F_1$  от скрещивания устойчивых линий друг с другом на стадии M1, A1 и тетрад. Получилось 7 групп, каждая из которых включает линии с одинаковой структурой чужеродного замещения. Эта информация нужна как для подбора линий, наиболее перспективных для их использования в селекционных программах в качестве доноров гена устойчивости, так и для правильной интерпретации результатов гибридологического анализа при дальнейшем генетическом изучении устойчивых линий. Положительная корреляция между средними числами унивалентов и микроядер на тетраду ( $r=0,79\pm0,11$ ,  $t=7,08$  при  $df>20$ ) показывает, что последний показатель можно использовать для оценки цитологической стабильности  $F_1$ . Отрицательная корреляция между средним числом микроядер и фертильностью  $F_1$  ( $r=-0,69\pm0,13$ ,  $t=5,18$ ) указывает на последствия отбора гамет и зигот с несбалансированным по составу хромосом геном. Надо полагать, в потомстве  $F_2$  от скрещивания устойчивых линий тем больше будет восприимчивых растений, чем ниже фертильность  $F_1$ . Всхожесть гибридных семян  $F_2$  не имела связи с показателями цитологической нестабильности и фертильностью. Это показывает, что отбор нежизнеспособных организмов в основном заканчивается до формирования зародыша и эндосперма. Полученные результаты подчеркивают важность изучения интродуктивных линий и гибридов между ними по их сходству или различию друг с другом относительно цитологической идентичности включений чужеродного генетического материала для построения правильной схемы эксперимента по генетическому анализу и верной интерпретации полученных результатов.

**CYTOGENETIC STUDY OF THE COMMON WHEAT LINES  
RESISTANT TO POWDERY MILDEW THROUGH THE GENES OF  
*AEGILOPS SHARONENSIS****Antonyuk, M.Z., Vdovichenko, Zh.V., Ternovskaya, T.K.*

Institute of Agroecology and Biotechnology, UAAS, Kyiv, Ukraine

Development of the wheat varieties with genetic protection against disease is one of the most ecologically promising way to prevent cultivated plants from the phytopathogens. Introgression of the new genes for resistance into genetic pool of the common wheat and study of their performance against the local populations of pathogen remains to be currently central problem. Our investigation is devoted to the cytogenetic study of the common wheat lines, the resistance to powdery mildew of which is governed by the genes transferred from *Aegilops sharonensis* Eig into genome of the common wheat variety Avrora under involving the different volumes of alien genetic material. Among the lines assessed for the resistance within the four successive years, 16 ones were fully resistant and 6 lines were weakly sensitive (5–10%) in 1999. Non of these lines was fully similar to the variety Avrora. Three lines without obvious alien characters of the stem and spike morphology differed from the variety Avrora with the higher stem, less dense spike, increase in the spikelets number per spike. On the data of electrophoretical analysis of seed esterase and peroxidase, acid phosphatase and  $\beta$ -amylase, 8 lines carry chromosomes  $3S^l$  and  $4S^l$ , 2 lines involve chromosome  $3S^l$ , and 2 ones include chromosome  $7S^l$  or the part of the listed chromosomes sharing the corresponding genes. To verify the lines for their relations as to a character of introgression, the stages M1, A1, and tetrads of meiosis in PMC of  $F_1$  hybrids between these lines were studied. Seven groups were formed, each of which involves the lines related as to the structure of alien substitution. This information is required both for selection of lines most suitable for their use in the breeding programs as the source of the gene for resistance, and for the correct interpretation of the results of the hybridological analysis during further studying of genetic control of resistance in these lines. Positive correlation between the average number of the univalents and the average number of micronuclei per tetrad ( $r=0,79\pm0,11$ ,  $t=7,08$  at  $df>20$ ) indicates that the latter index can be used to assess of the cytological stability of  $F_1$  hybrids. Negative correlation between the average number of micronuclei per tetrad and the fertility of  $F_1$  hybrid ( $r=-0,69\pm0,13$ ,  $t=5,18$ ) points to the consequences of elimination of the gametes and zygotes sharing the genome with unbalanced chromosome composition. The  $F_2$  from crossing of the resistant lines is believed to contain the more susceptible plants, the less fertile the  $F_1$  hybrids have got. The germinating capacity of  $F_2$  hybrid seeds was not associated with the indexes of the cytological instability and fertility. So, the selection of viable individuals is largely finished at the stage of zygote before the formation of the embryo and endosperm. The results obtained are believed to underline the importance of studying of the introgressive lines and their hybrids for the similarity or difference as to the cytological identity of the alien incorporations, for developing of adequate scheme of the experiment for genetic analysis involving these lines and the correct interpretation of the results observed.

**11<sup>th</sup> EWAC Conference**

---

**List of Participants**

<b>Country, Name</b>	<b>Telephone</b>	<b>Fax</b>	<b>E-mail</b>
<b>ARGENTINE</b>			
<i>Departamento de Genetica INTA</i> C.C.25, 1712 Castelar			
Suárez, E.	54-11-4621-1819	54-11-4621-6903	ysidro@cirn.inta.gov.ar

**BELARUS**

*Institute of Genetics and Cytology of Belarus Academy of Sciences,*  
220072 Minsk, Akademicheskaja, 27

Gorday, I.	375-172-284-1914	375-172-284-1917	dromashko@user.unibel.by
Khotyleva, L.	375-172-284-1901	-"	gen@biobel.bas-net.by
Dylenok, L.	-"	-"	-"
Jatzevich, A.	-"	-"	-"
Sen, L.	375-172-284-1907	-"	
Voluevich, E.	375-172-263-5826	-"	antimut@biobel.bas-net.by
Shapturnenko, M.	375-172-284-1911	-"	
Buloichik, A.	375-172-263-5826	-"	antimut@biobel.bas-net.by
Dubovetz, N.	375-172-284-1945	-"	
Kudelko, L.	375-172-284-1911	-"	

**BULGARIA**

*Institute of Wheat and Sunflower Research,*  
9520, General Toshevo

Spetsov, P.	359-58-2-74-75	359-5731-4448	pspetsov@db.vega.bg
-------------	----------------	---------------	---------------------

**CYMMIT**

Morgounov, A.	amorgounov@astel.kz
---------------	---------------------

**CZECH REPUBLIC**

*Research Institute of Crop Production,*  
Drnovska 507, Prague 6-Ruzyně

Pankova, K.	420-2-330-22390	420-2-330-22286	k.pankova@hb.vurv.cz
-------------	-----------------	-----------------	----------------------

**GERMANY**

Inst. für Pflanzenbau und Kulturpflanzenforschung  
IPK, Gatersleben, D-06466 Corrensstr. 3

Börner, A.	0049-394821-5229	0049-394821-5229	boerner@ipk-gatersleben.de
------------	------------------	------------------	----------------------------

**PLANTA GmbH,**

Grimsel str. 31, D-37574, Einbeck

Korzun, V.	0049-5561-311 734	0049-5561-311-243	v.korzun@kws.de
------------	-------------------	-------------------	-----------------

Country, Name	Telephone	Fax	E-mail
<b>GREAT BRITAIN</b>			
<i>John Innes Centre, Norwich Research Park, Colney, Norwich, NR4 7UH</i>			
Worland, A.	0044-1603-452571	0044-1603-502241	ellerb@bbsrc.ac.uk
Snape, J.			john.snape@bbsrk.ac.uk
Ellerbrook, C.			clare.ellerbrook@bbsrs.ac.uk
Reader, S.A.			steve.reader@bbsrk.ac.uk

**HUNGARY**

<i>Agricultural Research Institute of the Hungarian Academy of Sciences Martonvasar, PO Box:19</i>			
Sutka, J.	36-22-569-520	36-22-460-213	sutka@fsnew.mgki.hu

**ISRAEL**

<i>The Weizmann Institute of Science, Department of Plant Science, The WIS, Rehovot</i>			
Feldman, M.	972-8-9342994	972-8-9344160	moshe.feldman@weizmann.ac.il

**ITALY**

<i>Institute of Plant Breeding, Bari Via Amendola, 165 / A, Bari</i>			
Blanco, A.	0039-80-5442992	0039-80-5442813	blanko@agp.uniba.it
Simeone- Barbieri, R.	0039-80-5443003	0039-80-5442813	rosanna.simeone@agr.uniba.it

<i>Department of Agrobiology and Agrochemistry, University of Tuscia, Viterbo. Via S. Camillo de Lellis</i>			
Ceoloni, K.	39-761-357202	39-761-357242	ceoloni@unitus.it

**JAPAN**

<i>Faculty of Agriculture, Gifu University, 1-1 Yanagido, Gifu, 501-11</i>			
Watanabe, N.	81-58-293-2852	81-58-293-2852	watnb@cc.gifu-u.ac.jp

**KAZAKHSTAN**

<i>Institute of Plant Physiology, Genetics and Bioengineering, 480090, Almaty, Timirjazev str., 45</i>			
Bogdanova, E.			kiril@ippgb.akadem.alma-ata.su
Gostenko, K.	3272-47-61-06	3272-47-61-06	goskir@mail.ru
Khailenko, N.	3272-47-61-06	3272-47-61-06	

**11<sup>th</sup> EWAC Conference**

<b>Country, Name</b>	<b>Telephone</b>	<b>Fax</b>	<b>E-mail</b>
<b>POLAND</b>			
<i>Institute of Genetics and Plant Breeding, University of Agriculture, Lublin, Akademicka 15</i>			
<b>Miazga, D.</b>	0048-81-533-3549	0048-81-533-3752	<a href="mailto:tyran@hortus.ar.lublin.pl">tyran@hortus.ar.lublin.pl</a>
<b>ROMANIA</b>			
<i>Research Institute for Cereals and Crops, Fundulea, 8264</i>			
<b>Giura, A.</b>		0040-1311-0722	
<b>RUSSIA</b>			
<i>Agricultural Research Institute of Non Chernozem Zone, Nemchinovka, Moscow Region, 143013</i>			
<b>Lapochkina, I.</b>	7-095-591-94-10	095-591-92-87	<a href="mailto:lapochkina@chat.ru">lapochkina@chat.ru</a>
<i>Institute of Molecular Biology, ul. Vavilova, 32, Moscow, 117984</i>			
<b>Badaeva, E.</b>	7-095-135-98-06	095-135-04-60	<a href="mailto:pomortsev@vigg.ru">pomortsev@vigg.ru</a>
<i>The Central Botanical Garden of Russian Academy of Science, Moscow Region</i>			
<b>Semenov, V.</b>	7-8-231-59196		
<i>All-Russian Research Institute of Plant Production, Bolshaya Morskaya, 44, Sankt-Petersburg, 190000</i>			
<b>Khakimova, A.</b>	7-812-465-3302	7-812-311-8762	<a href="mailto:vir@glas.apc.org">vir@glas.apc.org</a>
<b>Mitrofanova, O.</b>	7-812-311-7322	- " -	- " -
<b>Peneva, T.</b>	7-812-466-4704	- " -	- " -
<i>Siberian Research Institute of Agriculture, pr. Korolyeva, 28, 644012, Omsk</i>			
<b>Zharkov, N.</b>	7-3812-242-144	7-3812-241-407	
<i>Siberian Institute of Plant Physiology, ul. Lermontova, 132, PO 1243, Irkutsk</i>			
<b>Davydov, V.</b>	7-3952-461-551	7-3952-510-754	<a href="mailto:gluten@sifibr.irk.ru">gluten@sifibr.irk.ru</a>
<b>Trufanov, V.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Didenko S.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Berezovskaya E.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Osipova S.</b>	- " -	- " -	- " -
<i>Institute of Soil and Agrochemistry, PO 498, 630099, Novosibirsk</i>			
<b>Gamzikova, O.</b>	7-3832-232-605	7-3832-232-605	<a href="mailto:gamlgen@mail.cis.ru">gamlgen@mail.cis.ru</a>

**11<sup>th</sup> EWAC Conference**

<b>Country, Name</b>	<b>Telephone</b>	<b>Fax</b>	<b>E-mail</b>
<b>Siberian Institute of Plant Production and Breeding,</b> Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630500			
<b>Khristov, Ju.</b>	7-3832-480-883		
<b>Styepochkin, P.</b>	- " -		
<b>Altai Research Institute of Farming and Breeding,</b> Nauchnyi Gorodok, Barnaul-51, 656910			
<b>Melnik, V.</b>	7-3812-316-733	7-3812-316-362	
<b>Institute of General Genetics,</b> ul. Gubkina, 3, 117809, Moscow			
<b>Pukhalskiy, V.</b>	7-095-135-1280	7-095-135-1289	pukhalsk@vigg.ru
<b>Institute of Cytology and Genetics,</b> 630090, Novosibirsk			
<b>Budashkina, E.</b>	7-3832-333-857	7-3832-331-278	bud@bionet.nsc.ru
<b>Shchapova, A.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Sil'kova, O.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Potapova, T.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Kravtzova, L.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Pshenichnikova, T.</b>	7-3832-332-273		wheatpsh@bionet.nsc.ru
<b>Laikova, L.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Efremova, T.</b>	- " -	- " -	efremova@bionet.nsc.ru
<b>Arbuzova, V.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Pershina, L.</b>	7-3832-302-187	- " -	pershina@bionet.nsc.ru
<b>Numerova, O.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Dobrovolskaya, O.</b>	7-3832-333-719	- " -	salina@bionet.nsc.ru
<b>V. Kozlov</b>	7-3832-302-412	- " -	
<b>Goncharov, N.</b>	7-3832-332-273	- " -	gonch@bionet.nsc.ru
<b>Kondratenko, E.</b>	- " -	- " -	
<b>Koval'yeva, N.</b>	- " -	- " -	
<b>Evtoushenko, E.</b>	7-3832-302-412	- " -	evt@bionet.nsc.ru
<b>Sergeeva, S.</b>	- " -	- " -	
<b>Koval, S.</b>	7-3832-333-462	- " -	kovals@cgi.nsk.su
<b>Obukhova, L.</b>	7-3832-333-719	- " -	
<b>Khlestkina, E.</b>	- " -	- " -	salina@bionet.nsc.ru
<b>Pestzova, E.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Leonova, I.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Bildanova, L.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Dudnikov, A.</b>	7-3832-332-273	- " -	dudnikov@bionet.nsc.ru
<b>Kravtchenko, A.</b>	7-3832-333-471	- " -	akrav@bionet.nsc.ru
<b>Tarakanova, T.</b>	- " -	- " -	tarak@bionet.nsc.ru
<b>Lbova, M.</b>	7-3832-302-412	- " -	
<b>Ermakova, M.</b>	7-3832-333-006	- " -	

**11<sup>th</sup> EWAC Conference**

<b>Country, Name</b>	<b>Telephone</b>	<b>Fax</b>	<b>E-mail</b>
<b>Research Institute of Agriculture of South-East of Russia,</b> ul. Tulaikova, 7, 410020, Saratov			
<b>Krupnov, V.</b>	7-845-264-77-14	7-845-2647688	ariser@mail.saratov.ru
<b>Sibikeev, S.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>Research Institute of Agriculture,</b> 350012, Krasnodar			
<b>Davoyan, R.</b>	7-8612-564-429	7-8612-562-274	
<b>Institute of Biology,</b> pr. Oktjabrja, 69, 450054, Ufa			
<b>Kruglova, N.</b>			kruglova@anrb.ru
<b>Zolotova, T.</b>			- " -
<b>UKRAINE</b>			
<b>Institute of Agroecology and Biotechnology, Ukrainian Academy of Sciences,</b> ul. Metrologicheskaya, 12, 003143, Kiev			
<b>Ternovskaya, T.</b>	38-044-266-23-38	044-266-23-38	
<b>Antonyuk, M.</b>	- " -	- " -	root@tritici.kiev.ua
<b>Institute of Breeding and Genetics, Ukrainian Academy of Sciences,</b> Ovidiopol'skaya dor., 65036 Odessa			
<b>Sechnyak, A.</b>	38-0482-694-138	38-0482-657-084	
<b>Prokopovich, E.</b>	- " -	- " -	
<b>Fait, V.</b>	38-0482-694-461	- " -	
<b>Ignatova, S.</b>	38-0482-656-187	- " -	
<b>Motzny, I.</b>	38-0482-694-186	- " -	
<b>South Plant Biotechnology Center,</b> Ovidiopol'skaya dor., 65036, Odessa			
<b>Balashova, I.</b>	38-0482-694-274	- " -	yuri@genome.intes.odessa.ua
<b>Chebotar, S.</b>	- " -	- " -	- " -
<b>UZBEKISTAN</b>			
<b>National University of Uzbekistan</b>			
<b>Sanamjan, M.</b>	3712-211-713		anat@tonk.silk.org