

ISSN 1029-8940 (Print)  
ISSN 2524-230X (Online)  
УДК 577.21:633.111.1

Поступила в редакцию 31.05.17  
Received 31.05.17

Е. А. Фомина<sup>1</sup>, С. В. Малышев<sup>1</sup>, С. Н. Кулинкович<sup>2</sup>, О. Ю. Урбанович<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

<sup>2</sup>Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию, Жодино, Республика Беларусь

## ИЗУЧЕНИЕ АЛЛЕЛЬНОГО СОСТАВА ГЕНОВ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНОСТИ *RHT1*, *RHT2* И *RHT8* В КОЛЛЕКЦИИ СОРТОВ И ЛИНИЙ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM* L.) И ИХ ВЛИЯНИЯ НА АГРОНОМИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ

**Аннотация.** Исследован аллельный состав генов короткостебельности *Rht1*, *Rht2* и *Rht8* в 75 сортах и линиях озимой пшеницы, которые могут представлять интерес для селекционного процесса пшеницы в Беларуси. Подтверждено влияние аллельных форм данных генов на высоту растений, а также проведена оценка их влияния на массу тысячи зерен, длину главного колоса, число колосков в главном колосе, массу зерна главного колоса, массу зерна с растения, количество зерен в главном колосе, а также общую и продуктивную кустистость. Выявлены источники аллелей *Rht-B1b*, *Rht-D1b* и *Rht8c*, приводящих к снижению высоты растения, которые могут быть использованы в маркер-сопутствующей селекции пшеницы.

**Ключевые слова:** озимая пшеница, гены короткостебельности, агрономические признаки, маркер-сопутствующая селекция пшеницы

**Для цитирования:** Изучение аллельного состава генов короткостебельности *Rht1*, *Rht2* и *Rht8* в коллекции сортов и линий озимой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) и их влияния на агрономические признаки / Е. А. Фомина [и др.] // Вес. Нац. акад. наук Беларусі. Сер. біял. навук. – 2018. – Т. 63, № 1. – С. 46–52.

Е. А. Fomina<sup>1</sup>, S. V. Malyshev<sup>1</sup>, S. N. Kulinkovich<sup>2</sup>, O. Yu. Urbanovich<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

<sup>2</sup>Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Agriculture, Zhodino, Republic of Belarus

## A STUDY OF THE ALLELIC COMPOSITION OF THE *RHT1*, *RHT2*, *RHT8* DWARFING GENES IN THE COLLECTION OF WINTER WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.) VARIETIES AND LINES AND THEIR INFLUENCE ON AGRONOMIC TRAITS

**Abstract.** The allelic composition of the dwarfing genes *Rht1*, *Rht2* and *Rht8* was studied in 75 winter wheat varieties and lines which may be of interest for the selection process of wheat in Belarus. The effect of allelic forms of these genes on the plants height was confirmed, and their influence on thousand-kernel weight, spike length, number of spikelets per spike, grain mass per spike, grain mass per plant, number of grains per spike, and general and productive bushiness was assessed. The sources of the *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht8c* alleles, which lead to a decrease in the plant height and can be used in the selection process of wheat, have been identified.

**Keywords:** winter wheat, dwarfing genes, agronomic traits, marker-assisted selection of wheat

**For citation:** Fomina E. A., Malyshev S. V., Kulinkovich S. N., Urbanovich O. Yu. A study of the allelic composition of the *Rht1*, *Rht2*, *Rht8* dwarfing genes in the collection of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties and lines and their influence on agronomic traits. *Vestsi Natsyonal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya biyalagichnych navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2018, vol. 63, no. 1, pp. 46–52 (in Russian).

**Введение.** Использование генов короткостебельности для снижения роста растений с целью предотвращения полегания злаков, увеличения урожайности является важным направлением селекции высокоурожайных сортов мягкой пшеницы [1]. По данным Чеботарь с соавт. [2], современные полукарликовые сорта пшеницы интенсивного типа помимо повышенной устойчивости к полеганию и высокого генетического потенциала продуктивности имеют улучшенные морфобиологические, адаптивные характеристики и пластичность, а также улучшенную корнеобеспеченность надземной части растения, синхронизированное развитие основного и боковых стеблей, выровненный стеблестой. Описано более 21 гена короткостебельности [1, 3]. Гены, определяющие рост растений, можно разделить на две группы в зависимости от их реакции на действие экзогенной гибберелиновой кислоты (ГК). Нечувствительные к ГК гены короткостебельности располагаются на коротких плечах хромосом 4В и 4D, а гены, чувствительные к ГК, – на хромосомах 2А, 2D5, 7B5 и 5А.

ГК является важным регулятором роста и развития растения, поскольку она оказывает влияние на обмен веществ в растительном организме. Под ее влиянием усиливается фотосинтез, повышается интенсивность дыхания, изменяется активность ферментов в сторону увеличения или снижения, а также ускоряется рост стеблей, листьев и плодов [2]. Один из генов короткостебельности *Rht8* локализован на коротком плече 2D-хромосомы. Обычно хромосомы второй группы сцепления содержат аллели, способствующие увеличению роста растений. Но из-за снижения дозы гена моносомии по 2D-хромосоме имеют меньший рост, чем их родительские формы [3]. При использовании микросателлитного маркера WMS261, сцепленного с геном *Rht8*, выявлено три вида аллеля. Сорт Capelle-Desprez нес аллель длиной 174 п. н., сорта Ciano 67 и Mara – длиной 164 и 192 п. н. соответственно. При анализе других сортов выявлены аллели размером более 200 п. н. Генетический анализ рекомбинантов по одной 2D-хромосоме между Capelle-Desprez и Ciano 67 показал увеличение роста растений на 3–4 см, которое коррелировало с аллелем WMS261 164 п. н. Среди рекомбинантов между Capelle-Desprez и Mara наблюдалось увеличение роста растений на 5–10 см за счет влияния аллеля WMS261 192 [1, 3]. Следует также отметить, что аллельный состав гена *Rht8* оказывает влияние не только на высоту растений, но и на их адаптационные свойства, такие как морозо- и зимостойкость, скороспелость [4].

Маркеры на основе ПЦР, выявляющие точечные мутации (CAPS-маркеры) были разработаны и для генов *Rht1* и *Rht2*. Эти гены располагаются на гомеологичных участках хромосом – 4В и 4D соответственно. Мутации замены пар оснований у аллелей *Rht-B1a* и *Rht-D1a* приводят к образованию аллелей *Rht-B1b* и *Rht-D1b*. В результате этих замен образуется TAG стоп кодон вскоре после начала трансляции, что приводит к потере способности растений реагировать на ГК и делает невозможным их возврат к прежнему росту. Из двух генов мутация *Rht-B1b* имеет меньший эффект, сокращая высоту растений в среднем на 8,4 см при наличии мутации в одном аллеле, в то время как мутация *Rht-D1b* имеет больший эффект, сокращая высоту растений в целом на 11,3 см [5]. Аллели *Rht-B1b* и *Rht-D1b* впервые детектированы в японском сорте Nogi 10, и их использование в селекционных программах (в частности, успешно реализованных Н. Борлаугом) непосредственно связано с понятием «зеленая революция» [2, 6].

Цель данной работы – исследование аллельного разнообразия генов *Rht1*, *Rht2* и *Rht8* и выявление ассоциации между аллельным составом данных генов и агрономическими признаками в сортах и линиях пшеницы, используемых в белорусской селекции.

**Материалы и методы исследования.** Изучено аллельное разнообразие генов *Rht1*, *Rht2* и *Rht8* в коллекции из 75 сортов и линий озимой пшеницы, используемых в селекционном процессе РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» (г. Жодино). Оценка агрономических признаков была проведена в лаборатории озимой пшеницы данного учреждения.

Выделение ДНК осуществляли из двух зерновок для каждого сорта по методу, предложенному Plaschke с соавт. [7].

Для анализа аллельного состава генов *Rht1* и *Rht2* использовали методику Ellis с соавт. [5] с изменениями.

Аmplификацию проводили по следующей схеме: 1 цикл продолжительностью 5 мин при 94 °С; 38 циклов по 30 с при 94 °С, 30 с при 60 °С, 1 мин при 72 °С; заключительное выдерживание – 10 мин при 72 °С.

Визуализацию фрагментов амплификации проводили после разделения методом электрофореза в 1,5 %-ном агарозном геле в трис-ацетатном буфере при помощи системы документирования гелей GelDoc 2000.

Для анализа аллельного состава гена *Rht8* использовали методику Kozzun с соавт. [1].

Аmplификацию проводили по следующей схеме: 1 цикл продолжительностью 5 мин при 94 °С; 45 циклов по 1 мин при 94 °С, 1 мин при 55 °С, 2 мин при 72 °С; заключительное выдерживание – 10 мин при 72 °С.

Визуализацию фрагментов амплификации проводили после их разделения с использованием метода вертикального электрофореза в 6 %-ном денатурирующем акриламидном геле в трис-боратном буфере при помощи секвенатора ALFexpress II.

Состав реакционной смеси для амплификации объемом 12,5 мкл был следующим: 1×буфер для *Taq* полимеразы «А» без  $MgCl_2$ ; 1,5 мМ  $MgCl_2$ ; 0,2 мМ НТФ; 0,25 нМ праймеры; 0,5 ЕА *Taq*-полимераза; 50 нг ДНК. Для анализа использовали праймеры и ПЦР-реактивы производства компании «Праймтех» (Беларусь).

**Результаты и их обсуждение.** Для исследования аллельного состава гена короткостебельности *Rht1* использовали праймеры BF, MR1 и WR1.

Праймер BF является геном-специфичным, в то время как праймеры MR1 и WR1 имеют отличия в одном основании, что приводит к образованию стоп-кодона TAG. Праймер WR1 является комплементарным к CAG кодону, что соответствует «диному» виду аллеля *Rht-B1a* (wild-type), а праймер MR1 – к появляющемуся в результате однонуклеотидной замены (C→T) стоп-кодону TAG (см. рисунок). Пара праймеров BF и WR1 образует ПЦР-продукт размером 237 п. н. при амплификации образцов, несущих «дикий» вид аллеля *Rht-B1a*, и не образует ПЦР-продукта при амплификации образцов, несущих «мутантный» вид аллеля *Rht-B1b*. Пара праймеров BF и MR1, в свою очередь, образует ПЦР-продукт размером 237 п. н. при амплификации образцов, несущих «мутантный» вид аллеля *Rht-B1b*, и не образует ПЦР-продукта при амплификации образцов, несущих «дикий» вид аллеля *Rht-B1a*.

В результате проведенного анализа «мутантный» вид аллеля *Rht-B1b*, приводящий к снижению высоты растения, выявлен у 19 (25,3 %) исследуемых сортов и линий.

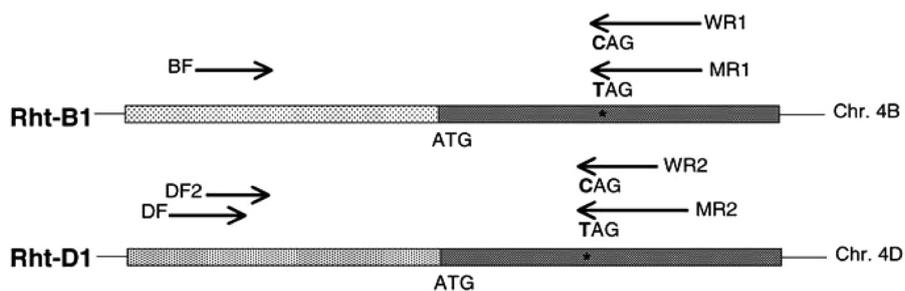
Для анализа гена короткостебельности *Rht2* использовали праймеры DF, DF2, MR2 и WR2.

Как и праймер BF, праймеры DF и DF2 являются геном-специфичными, в то время как праймеры MR2 и WR2 имеют отличия в одном основании, что приводит к образованию стоп-кодона TAG. Аналогично праймерам MR1 и WR1, праймер WR2 является комплементарным к CAG кодону, что соответствует «диному» виду аллеля *Rht-D1a* (wild-type), а праймер MR2 – к появляющемуся в результате однонуклеотидной замены (C→T) стоп-кодону TAG (см. рисунок). Как следствие, пара праймеров DF2 и WR2 образует ПЦР-продукт размером 264 п. н. при амплификации образцов, несущих «дикий» вид аллеля *Rht-D1a*, и не образует ПЦР-продукта при амплификации образцов, несущих «мутантный» вид аллеля *Rht-D1b*. Пара праймеров DF и MR2, в свою очередь, образует ПЦР-продукт размером 254 п. н. при амплификации образцов, несущих «мутантный» вид аллеля *Rht-D1b*, и не образует ПЦР-продукта при амплификации образцов, несущих «дикий» вид аллеля *Rht-D1a* [5].

Среди исследуемых сортов и линий у 21 (28,0 %) выявлен аллель *Rht-D1b*, приводящий к снижению высоты растения.

Для идентификации гена *Rht8* ДНК тех же сортов пшеницы проанализирована по микросателлитному локусу *Xgwm261*. Сорта и линии, содержащие в своем геноме данный ген, образуют ПЦР-продукт размером 192 п. н. Фрагменты другого размера говорят об отсутствии такого гена [5].

Для данного локуса было обнаружено 5 аллелей размером 165 (*Rht8a*), 174 (*Rht8b*), 192 (*Rht8c*), 194 и 197 п. н. Эти аллели соответствуют наиболее часто встречающимся в европейских сортах [8]. При этом фрагмент 165 п. н. (аллель *Rht8a*), характерный для сортов Центральной Европы, обнаружен в 7 (9,3 %) образцах. Этот аллель встречается у растений, высота которых несколько превышает нормальную (3–4 см). Фрагмент размером 174 п. н. (аллель *Rht8b*), характерный для Север-



Праймеры для выявления мутаций *Rht-B1b* и *Rht-D1b*  
Primers for the detection of *Rht-B1b* and *Rht-D1b* mutations

ной и Восточной Европы, присутствовал в 8 (10,7 %) образцах. Этот аллель коррелирует с нормальной высотой. Фрагмент длиной 194 п. н. обнаружен в 1 (1,3 %) образце, а фрагмент 197 п. н., характерный для Приальпийского региона, – в 3 (4,0 %).

Фрагмент размером 192 п. н. (аллель *Rht8c*) обнаружен у 56 (74,7 %) сортов. Данный аллель связан с присутствием гена *Rht8* и наиболее характерен для Южной и Юго-Восточной Европы и, в частности, для юга Украины [4]. Следует отметить, что высокая частота встречаемости аллеля *Rht8c* в исследуемой коллекции не случайна, так как большая ее часть (43 сорта) представлена сортами украинской селекции, среди которых отмечено преобладание гена *Rht8*.

В целом, анализ аллельного состава генов короткостебельности *Rht1*, *Rht2* и *Rht8* позволил выявить перспективные образцы, несущие мутации *Rht-B1b* и *Rht-D1b*, приводящие к снижению высоты растения, а также аллель WMS261 192 (*Rht8c*), сцепленный с геном *Rht8* (табл. 1).

Таблица 1. Аллельный состав генов *Rht-B1*, *Rht-D1* и *Rht8* в коллекции сортов и линий озимой пшеницы

Table 1. Allelic composition of the *Rht-B1*, *Rht-D1* and *Rht8* genes in the collection of winter wheat varieties and lines

Вид аллеля			Название сорта/линии	К-во сортов/линий
Ген <i>Rht-B1</i>	Ген <i>Rht-D1</i>	Ген <i>Rht8</i>		
<i>Rht-B1b</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8a</i>	Кармен, Miranda	2 (2,7 %)
<i>Rht-B1b</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8b</i>	Юнона	1 (1,3 %)
<i>Rht-B1b</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8c</i>	Бунчук, Годувальница одесская, Донская полукарликовая, Донской сюрприз, Ермак, Истина одесская, Наусель, Одесская 200, Памяти Калиненко, Полевик, Почаивка, Приднестрянська напівкарликова, Славна, Уникум, Яворина, Фауг	16 (21,3 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht8a</i>	Со 207, Skagen	2 (2,7 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht8b</i>	Акорд, Samurai	2 (2,7 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1b</i>	197	Cubus	1 (1,3 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht8c</i>	Альбатрос одесский, Багира, Благодарна, Богданка, Борвий (образец 1), Борвий (образец 2), Доброчын, Заграва одесская (образец 1), Заграва одесская (образец 2), Калита, Роксолана, Турунчук, Ужинок, Хвест, Эпоха одесская, Emmit	16 (21,3 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8a</i>	Acratos, Dromos, Perfect	3 (4,0 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8b</i>	Проза, Элегия (образец 1), Элик, Balaton, Catalus	5 (6,7 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1a</i>	<i>Rht8c</i>	Ариадна, Аскет, Барвина, Видрада, Вильшана, Герта, Дон 95, Ершовская 11, Жемчужина Поволжья, Заможность, Короганка, Левобережная 1, Лорд, Новоершовская, Подолянка, Синтетик, Ростовчанка 3, Сагайдак, Утес, Хоревица (образец 1), Хоревица (образец 2), Элегия (образец 2), Ярославна, F.594	24 (32,0 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1a</i>	194	Миронивська сторична	1 (1,3 %)
<i>Rht-B1a</i>	<i>Rht-D1a</i>	197	Lupus, Saturnus	2 (2,7 %)

Примечание. Полу жирным шрифтом выделены образцы, несущие мутации *Rht-B1b* и *Rht-D1b*, приводящие к снижению высоты растения, а также аллель WMS261 192 (*Rht8c*), сцепленный с геном *Rht8*.

Как видно из табл. 1, среди сортов и линий изучаемой коллекции 3 (4 %) несут в своем геноме аллель *Rht-B1b*, 5 (6,7 %) – аллель *Rht-D1b*, 24 (32,0 %) – аллель *Rht8c*, 16 (21,3 %) – одновременно аллели *Rht-B1b* и *Rht8c*, а также аллели *Rht-D1b* и *Rht8c*, вызывающие снижение высоты растения.

Нами проведена оценка корреляции между аллельным составом данных генов и высотой растений. Парное сравнение проводили между выборками растений, содержащих те или иные аллельные формы данных генов короткостебельности, способствующие снижению высоты растений, и выборкой растений, несущих только аллельные формы данных генов, не приводящие к снижению высоты растений. Результаты сравнительного анализа представлены в табл. 2.

Как видно из табл. 2, средняя высота растений, содержащих аллели *Rht-B1b*, *Rht-D1b* и *Rht8c*, во всех выборках оказалась значительно ниже, чем в выборке растений, не имеющих в своем гено- типе ни одного из данных аллелей ( $p < 0,001$ ), что говорит о высокой достоверности полученных результатов. Наибольшее снижение высоты выявлено у растений, содержащих комбинацию

Т а б л и ц а 2. Влияние аллельного состава генов *Rht-B1*, *Rht-D1* и *Rht8* на высоту растения в коллекции сортов и линий озимой пшеницыTable 2. Influence of the allelic composition of the *Rht-B1*, *Rht-D1* and *Rht8* genes on the plant height in the collection of winter wheat varieties and lines

Показатель	Средняя высота растения, см	F	p
Аллели, приводящие к снижению высоты растения:			
<i>Rht-B1b</i>	73,2	38,62	0,00000103
<i>Rht-D1b</i>	74,9	29,32	0,00000721
<i>Rht8c</i>	76,6	25,54	0,00000376
<i>Rht-B1b</i> + <i>Rht8c</i>	71,8	47,71	0,00000031
<i>Rht-D1b</i> + <i>Rht8c</i>	73,4	31,07	0,00000850
Аллели, не приводящие к снижению высоты растения	91,5	–	–

аллелей *Rht-B1b*+ *Rht8c* (средняя высота растения составила 71,8 см). Этот показатель значительно ниже, чем в выборках растений, у которых данные аллели содержались по отдельности: среди сортов и линий только с аллелем *Rht-B1b* средняя высота растения была равна 73,2 см, среди сортов и линий только с аллелем *Rht8c* – 76,6 см, что делает привлекательным использование образцов, содержащих комбинацию аллелей *Rht-B1b* + *Rht8c*, в селекционном процессе. Следует также отметить, что средняя высота растений с аллельными формами генов *Rht1*, *Rht2* и *Rht8*, приводящими к снижению высоты растения, оказалась ниже средней высоты растений в коллекции (79,1 см).

При изучении близкородственных линий, созданных М. D. Gale в Институте селекции растений (Кембридж) и содержащих аллели *Rht-B1b*, *Rht-D1b*, *Rht-B1b* и *Rht-B1c*, *Rht-B1b* + *Rht-D1b* и *Rht-D1b* + *Rht-B1c*, Li с соавт. [9] было показано, что аллели *Rht-B1b* и *Rht-D1b* оказывают отрицательное влияние на массу тысячи зерен (МТЗ), незначительно увеличивают число колосков в главном колосе (КГК), а также оказывают положительный эффект на массу зерна главного колоса (МЗГК), количество зерен в главном колосе (ЗГК) и длину главного колоса (ДГК). При изучении данных показателей, а также общей и продуктивной кустистости (ОК и ПК) и массы зерна с растения (МЗР) в сортах и линиях, содержащих мутации *Rht-B1b* и *Rht-D1b*, приводящие к снижению высоты растения, а также аллель WMS261 192 (*Rht8c*), сцепленный с геном *Rht8* (табл. 3), нами выявлено, что наибольшим числом КГК в среднем обладали сорта и линии, не несущие в своих геномах аллель *Rht-B1b* (табл. 3). Сорта и линии, не несущие в своих геномах гены короткостебельности, обладали наибольшим количеством ЗГК и ДГК. Что касается данных по МТЗ и МЗГК, то они также были выше в сортах и линиях, не несущих в своих геномах гены короткостебель-

Т а б л и ц а 3. Влияние аллелей, приводящих к снижению высоты растений, на ОК, ПК, МЗГК, МТЗ, КГК, ЗГК, ДГК и МЗР в коллекции сортов и линий озимой пшеницы

Table 3. Effect of alleles, leading to a decrease in plant height on general bushiness, productive bushiness, grain mass per spike, thousand-kernel weight, number of spikelets per spike, number of grains per spike, spike length and grain mass per plant in the collection of winter wheat varieties and lines

Показатель	<i>Rht-B1b</i>	<i>Rht-B1b</i> + <i>Rht8c</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht-D1b</i> + <i>Rht8c</i>	<i>Rht8c</i>	Аллели, не приводящие к снижению высоты растения	F	p
Средняя МТЗ, г	49,3	51,3	53,3	48,6	52,9	51,6	2,11	0,07436
Среднее КГК, шт.	17,1	17,4	18,7	17,1	17,5	19,4	3,08	0,01432
Средняя МЗГК, г	2,2	2,3	2,3	2,2	2,2	2,6	1,42	0,22631
Среднее ЗГК, шт.	44,6	44,3	42,7	45,5	41,4	51,2	2,55	0,03569
Средняя ДГК, см	8,8	9,0	9,4	8,8	8,8	10,1	4,04	0,00283
Средняя МЗР, г	5,3	5,1	5,4	5,2	4,8	5,4	0,36	0,87102
Средняя ОК, шт.	4,3	4,1	4,4	3,9	3,9	4,2	1,94	0,09923
Средняя ПК, шт	3,1	3,0	3,0	2,9	2,8	2,6	1,01	0,41963

Пр и м е ч а н и е. Здесь и в табл. 4: МТЗ – масса тысячи зерен, КГК – число колосков в главном колосе, МЗГК – масса зерна главного колоса, ЗГК – количество зерен в главном колосе, ДГК – длина главного колоса, МЗР – масса зерна с растения, ОК – общая кустистость, ПК – продуктивная кустистость.

Таблица 4. Влияние аллельного состава гена *Rht8* на высоту растений, ОК, ПК, МЗГК, МТЗ, КГК, ЗГК, ДГК и МЗР в коллекции сортов и линий озимой пшеницыTable 4. Effect of the allelic composition of the *Rht8* gene on general bushiness, productive bushiness, grain mass per spike, thousand-kernel weight, number of spikelets per spike, number of grains per spike, spike length and grain mass per plant in the collection of winter wheat varieties and lines

Показатель	<i>Rht8a</i>	<i>Rht8b</i>	<i>Rht8c</i>	F	<i>p</i>
Средняя высота растений, см	86,3	88,2	76,6	7,73	0,00094
Средняя ОК, шт.	4,4	4,3	3,9	5,17	0,00810
Средняя ПК, шт	2,9	2,8	2,9	0,13	0,88087
Средняя МЗГК, г	2,4	2,7	2,2	2,79	0,06817
Средняя МТЗ, г	52,0	52,3	51,2	0,22	0,80467
Среднее КГК, шт.	18,5	19,4	17,4	5,34	0,00702
Среднее ЗГК, шт.	45,5	50,9	43,4	3,07	0,05283
Средняя ДГК, см	9,7	9,8	8,8	5,57	0,00575
Средняя МЗР, г	5,3	5,6	5,0	0,60	0,55163

ности, хотя эти результаты нельзя считать достоверными ( $p > 0,05$ ), как и данные, касающиеся МЗР, а также ОК и ПК, где показатели в выборках сортов, несущих аллели *Rht-B1b* и *Rht-D1b*, были выше, чем в выборках растений, не несущих данные аллели. По данным Li с соавт. [9], аллели *Rht-B1b* и *Rht-D1b* оказывают неодинаковое влияние на агрономические признаки в зависимости от условий произрастания. Вероятно, полученные данные можно объяснить условиями возделывания исследуемых сортов и линий в РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» (г. Жодино).

По данным Файт и др. [4], аллельный состав гена *Rht8* помимо высоты растения может оказывать влияние на такие агрономические признаки, как ОК, ПК и МЗГК. Помимо указанных признаков нами также оценено влияние аллельного состава данного гена на число КГК, количество ЗГК, ДГК и МЗР. Результаты оценки корреляции между аллельным составом гена *Rht8* и упомянутыми признаками приведена в табл. 4.

**Заключение.** В результате проведенного исследования нами подтверждено, что аллельный состав гена *Rht8* действительно оказывает влияние на высоту растения ( $p < 0,001$ ). Так, сорта, несущие *Rht8c* аллель, оказались в среднем на 9,7 см ниже, чем растения, несущие аллель *Rht8a*, и на 11,6 см ниже, чем растения, несущие аллель *Rht8b*. ОК оказалась выше в сортах и линиях, несущих аллели *Rht8a* и *Rht8b* ( $p < 0,01$ ). Наибольшие значения МЗГК, числа КГК, количества ЗГК, а также ДГК в среднем были у сортов и линий, несущих аллель *Rht8b*. По показателю ПК не выявлено существенных различий. МЗР и МТЗ также оказалась выше у сортов и линий, несущих аллель *Rht8b*, однако эти данные нельзя считать достоверными ( $p > 0,05$ ). По данным Файт и др., при исследовании влияния аллельного состава гена *Rht8* на некоторые агрономические признаки в сортах и линиях озимой мягкой пшеницы в условиях юга степи Украины наименее устойчивой к комплексу негативных факторов перезимовки и низким температурам при искусственном промораживании оказались растения с аллелем *Rht8c*, наиболее устойчивыми – с аллелем *Rht8a*. По показателю урожайности различия наблюдались в основном за счет увеличения количества продуктивных стеблей на единицу площади. Так, наименее продуктивными оказались растения с аллелем *Rht8c*, наиболее устойчивыми – с аллелем *Rht8a*, а сорта и линии с аллелем *Rht8b* занимали промежуточное положение [4]. Это свидетельствует о более высокой приспособленности растений с аллелем *Rht8a* к произрастанию в холодном климате. Следовательно, полученные данные можно объяснить тем, что умеренный климат, характерный для Беларуси, наиболее благоприятен для возделывания сортов и линий, несущих в своих геномах аллель *Rht8b*.

Очень перспективным, на наш взгляд, является изучение влияния аллельного состава гена *Rht8* на устойчивость к негативным факторам перезимовки и низким температурам, а также скороспелость, поскольку, по данным Файт [4], сорта и линии с аллелем *Rht8c* оказались более скороспелыми, а с аллелем *Rht8a* – позднеспелыми. Сорта и линии с аллелем *Rht8b* созревали раньше, чем сорта и линии с аллелем *Rht8a*, но позже, чем с аллелем *Rht8c*.

### СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Pt. I. Molecular mapping of *Rht8* on short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) / V. Korzun [et al.] // *Theoretical and Appl. Genetics*. – 1998. – Vol. 96, N 8. – P. 1104–1109.
2. Чеботарь, С. В. Анализ генов короткостебельности в генотипах сортов мягкой пшеницы Украины / С. В. Чеботарь, А. Бернер, Ю. М. Сиволап // *Цитология и генетика*. – 2006. – Т. 40, № 4. – С. 12–23.
3. Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Pt. II. The distribution and adaptive significance of allelic variants at the *Rht8* locus of wheat as revealed by microsatellite screening / A. J. Worland [et al.] // *Theoretical and Appl. Genetics*. – 1998. – Vol. 96, N 8. – P. 1110–1120.
4. Эффекты аллелей гена *Rht8* по агрономическим признакам у озимой мягкой пшеницы в условиях степи юга Украины / В. И. Файт [и др.] // *Цитология и генетика*. – 2007. – Т. 41, № 2. – С. 30–36.
5. «Perfect» markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat / M. Ellis [et al.] // *Theoretical and Appl. Genetics*. – 2002. – Vol. 105, N 6–7. – P. 1038–1042.
6. Hedden, P. The genes of the Green Revolution / P. Hedden // *Trends in Genetics*. – 2003. – Vol. 19, N 1. – P. 5–9.
7. Plaschke, M. W. G. J. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers / M. W. G. J. Plaschke, M. S. Röder // *Theoretical and Appl. Genetics*. – 1995. – Vol. 91, N 6–7. – P. 1001–1007.
8. Ahmad, M. Distribution of microsatellite alleles linked to *Rht8* dwarfing gene in wheat / M. Ahmad, M. E. Sorrells // *Euphytica*. – 2002. – Vol. 123, N 2. – P. 235–240.
9. Effects of different *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht-B1c* dwarfing genes on agronomic characteristics in wheat / X.-P. Li [et al.] // *Cereal Research Communications*. – 2006. – Vol. 34, N 2–3. – P. 919–924.

### References

1. Korzun V., Röder M. S., Ganal M. W., Worland A. J., Law C. N. Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Pt. I. Molecular mapping of *Rht8* on short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, vol. 96, no. 8, pp. 1104–1109. DOI: 10.1007/s001220050845
2. Chebotar' S. V., Berner A., Sivolap Y. M. Analysis of the dwarfing genes in the genotypes of bread wheat cultivars of Ukraine. *Cytology and Genetics*, 2006, vol. 40, no. 4, pp. 12–23 (in Russian).
3. Worland A. J., Korzun V., Röder M. S., Ganal M. W., Law C. N. Genetic analysis of the dwarfing gene (*Rht8*) in wheat. Pt. II. The distribution and adaptive significance of allelic variants at the *Rht8* locus of wheat as revealed by microsatellite screening. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, vol. 96, no. 8, pp. 1110–1120. DOI: 10.1007/s001220050846
4. Fait V. I., Chebotar S. V., Mokuhan N. V., Pilipenko M. V. Effects of the alleles of the *Rht8* gene on the agricultural traits of bread winter wheat under conditions of the steppe region of the Southern Ukraine. *Cytology and Genetics*, 2007, vol. 41, no. 2, pp. 30–36 (in Russian).
5. Ellis M., Spielmeyer W., Gale K., Rebetzke G., Richards R. «Perfect» markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, vol. 105, no. 6–7, pp. 1038–1042. DOI: 10.1007/s00122-002-1048-4
6. Hedden P. The genes of the Green Revolution. *Trends in Genetics*, 2003, vol. 19, no. 1, pp. 5–9. DOI: 10.1016/s0168-9525(02)00009-4
7. Plaschke M. W. G. J., Röder M. S. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 1995, vol. 91, no. 6–7, pp. 1001–1007. DOI: 10.1007/bf00223912
8. Ahmad M., Sorrells M. E. Distribution of microsatellite alleles linked to *Rht8* dwarfing gene in wheat. *Euphytica*, 2002, vol. 123, no. 2, pp. 235–240. DOI: 10.1023/A:1014962016967
9. Li X.-P., Lan S.-Q., Liu Y.-P., Gale M., Worland T. Effects of different *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht-B1c* dwarfing genes on agronomic characteristics in wheat. *Cereal Research Communications*, 2006, vol. 34, no. 2–3, pp. 919–924. DOI: 10.1556/crc.34.2006.2-3.220

### Информация об авторах

Фомина Елена Анатольевна – науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: E.Fomina@igc.by.

Мальшев Сергей Викторович – ст. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: S.Malyshev@igc.by.

Куликович Сергей Николаевич – канд. с.-х. наук, заведующий лабораторией. Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию (ул. Тимирязева, 1, 222160, г. Жодино, Минская область, Республика Беларусь). E-mail: wheat.npc@mail.ru.

Урбанович Оксана Юрьевна – д-р биол. наук, заведующий лабораторией. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: O.Urbanovich@igc.by.

### Information about the authors

Elena A. Fomina – Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: E.Fomina@igc.by.

Sergey V. Malyshev – Senior researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: S.Malyshev@igc.by.

Sergey N. Kulinkovich – Ph. D. (Agric.), Head of the Laboratory. Scientific and Practical Center of the National Academy of Sciences of Belarus on Agriculture (1, Timiryazeva Str., 222160, Zhodino, Minsk region, Republic of Belarus). E-mail: wheat.npc@mail.ru.

Oksana Y. Urbanovich – D. Sc. (Biol.), Head of the Laboratory. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: O.Urbanovich@igc.by.