УДК 575+577.1: 633.1 https://doi.org/10.7124/FEEO.v35.1666

КОЗУБ Н. О.[1,2]✉, СОЗІНОВ І. О.[1], БІДНИК Г. Я.[1,2], ДЕМ'ЯНОВА Н. О.[1,2], СОЗІНОВА О. І.[1,2], КУЧЕРЯВИЙ І. І.[1], БОРЗИХ О. І.[1], БЛЮМ Я. Б.[2]

[1] Інститут захисту рослин НААН,
Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 33, ORCID: 0000-0002-3572-1786, 0000-0002-3621-5746, 0009-0002-9521-7618, 0009-0009-4712-8275, 0000-0002-0981-3433, 0000-0002-9802-5622
[2] ДУ «Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України»,
Україна, 04123, м. Київ, вул. Байди-Вишневецького, 2а, ORCID: 0000-0001-7078-7548
✉ *natalkozub@gmail.com, (044) 257-22-58*

ХАРАКТЕРИСТИКА БІЛОЦЕРКІВСЬКИХ СОРТІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ЗА МАРКЕРНИМИ ЛОКУСАМИ

Мета. Досліджували особливості вибірки білоцерківських сортів пшениці м'якої озимої за локусами запасних білків та маркерами деяких генів стійкості до хвороб. ***Методи.*** Для ідентифікації алелей локусів гліадинів та високомолекулярних субодиниць глютенінів проводили електрофорез білків зерна у кислому середовищі та SDS-електрофорез. Алелі маркерів генів стійкості до хвороб *Lr34, Tsn1, TDF_076_2D* визначали за допомогою ПЛР. ***Результати***. Визначено склад та частоти алелей локусів *Gli-1, Glu-1, Gli-A3* у вибірках білоцерківських сортів, створених до 2011 р. та після 2010 р.; для сортів останнього періоду ідентифіковано алелі за маркерами вказаних генів стійкості. Спостерігали істотне зростання частоти алелі *Gli-A1x(9)* та зниження частоти *Gli-A1c,* а також тенденцію до зростання частоти *Gli-A3c*. У загальній вибірці білоцерківських сортів виявлено невипадкові асоціації пар певних алелей локусів запасних білків. ***Висновки.*** Група білоцерківських сортів за набором і частотами алелей основних проламінових локусів є подібною до раніше досліджених груп сортів зони Центрального Лісостепу України, але відрізняється за частотами алелей проаналізованих генів стійкості. Особливістю групи білоцерківських сортів є висока частота алелі *c* мінорного локусу *Gli-A3* та асоціація алелей *Gli-A1x Gli-B1l Gli-A3c.*

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., запасні білки, гени стійкості до хвороб, 1BL.1RS.

При дослідженні різноманітності пшениці за допомогою сучасних технологій особливе значення відводиться ідентифікації поліморфізмів, що знаходяться під дією добору і пов'язані з функціональними локусами. Серед таких локусів – гени фотоперіодизму, висоти рослини, гени стійкості та локуси запасних білків [1].

Локуси запасних білків (гліадинів і високомолекулярних субодиниць глютенінів, які відносять до проламінових білків) були серед перших генетичних маркерів, що використовувались для аналізу різноманітності культурних і дикорослих пшениць [2, 3].

У видів триби *Triticeae* гліадини кодуються основними локусами на коротких плечах хромосом першої і шостої гомеологічних груп, зокрема *Gli-A1, Gli-B1, Gli-D1, Gli-A2, Gli-B21, Gli-D2* у пшениці м'якої *Triticum aestivum* L. [4]. Оскільки ці локуси містять кластери генів, то контрольовані ними білки успадковуються як єдиний блок. Основні гліадинові локуси пшениці є високополіморфними, тому різні блоки відрізняються набором та рухливістю компонентів при електрофорезі в кислому середовищі [3]. Крім основних локусів на коротких плечах хромосом першої гомеологічної групи картовано мінорні гліадинові локуси, що кодують до двох компонентів [4]. Мінорні локуси *Gli-A5* і *Gli-A6* тісно зчеплені з *Gli-A1,* а мінорний локус *Gli-B5* – з *Gli-B1*, через це різноманітність за цими мінорними локусами враховується при ідентифікації алелей *Gli-A1* та *Gli-B1* (їх компоненти розглядаються як єдиний блок) [3]. Відомим прикладом такого «комплексного» блоку є блок, що кодується алеллю *Gli-A1f* (*Gli-A1af* + *Gli-A6b*) [3]. Мінорний локус *Gli-B3* (або *Glu-B2*) знаходиться на відстані біля 22–28 сМ проксимально від *Gli-B1,* а мінорний гліадиновий локус *Gli-A3* – на приблизно такій відстані від *Gli-A1* [4]. Практично в одному кластері з *Gli-A1, Gli-B1, Gli-D1* розміщені гени низькомолекулярних субодиниць гліадинів (локуси *Glu-A3, Glu-B3, Glu-D3*) [4]. Локуси високомолекулярних

© КОЗУБ Н. О., СОЗІНОВ І. О., БІДНИК Г. Я., ДЕМ'ЯНОВА Н. О., СОЗІНОВА О. І., КУЧЕРЯВИЙ І. І., БОРЗИХ О. І., БЛЮМ Я. Б.

субодиниць глютенінів *Glu-A1, Glu-B1, Glu-D1*, які роблять основний внесок у визначення рівня хлібопекарської якості, знаходяться на довгих плечах хромосом першої гомеологічної групи [4].

Серед великої кількості генів стійкості особливе значення мають гени, що забезпечують тривалу стійкість. До таких відносяться гени дорослої стійкості до збудників іржастих хвороб та гени стійкості до некротрофних патогенів. Зокрема, важливим клонованим геном є ген, що контролює чутливість/нечутливість до токсина А грибів *Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechsler, *Parastagonospora nodorum* (E.Müll.) Hedjar. [5] та *Bipolaris sorokiniana* (S. Ito & Kurib.) Drechsler ex Dastur [6].

Узагальнення багатьох досліджень продемонструвало структурованість генетичного поліморфізму, яка виражається у наявності характерного набору алелей проламінових локусів у групах сортів пшениці різних країн або регіонів [2, 3]. Ця структурованість здебільшого визначається добором у специфічних ґрунтово-кліматичних умовах конкретного регіону [2, 3]. Частоти алелей гена стійкості *Lr34* також відрізняються між групами сортів різного походження [7]. Метою даної роботи було дослідження особливостей вибірки білоцерківських сортів пшениці м'якої озимої за локусами запасних білків та маркерами деяких генів стійкості до хвороб.

Матеріали і методи

Досліджували вибірку сортів пшениці м'якої озимої селекції Білоцерківської дослідно-селекційної станції Інституту біоенергетичних культур і цукрових буряків Національної академії аграрних наук (НААН) України (БЦДС): сорти Білоцерківська 177, Білоцерківська 18, Білоцерківська 198, Білоцерківська 47, Білоцерківська інтенсивна, Білоцерківська напівкарликова, Елегія, Лісова пісня, Либідь, Олеся, Перлина Лісостепу, Раставиця, Романтика, Веселка, Відрада, Царівна, Ясочка (сорти створено до 2011 р., група В1-2) та сорти Водограй білоцерківський, Грація білоцерківська, Зорепад білоцерківський, Зоря ланів, Квітка полів, Легенда білоцерківська, Лірика білоцерківська, Муза білоцерківська, Розумниця, Рось, Чародійка білоцерківська, Щедра нива (сорти зареєстровано після 2010 р., група В3). Для групи сортів В3 також визначали алелі генів стійкості *Lr34, Tsn1, TDF_076_2D*. Сорти були люб'язно надані Національним центром генетичних ресурсів рослин України НААН (м. Харків). БЦДС розміщена в зоні Центрального Лісостепу України

Для ідентифікації алелей локусів запасних білків аналізували 5–15 окремих зернівок кожного сорту. Гліадини розділяли електрофорезом у кислому середовищі у 10 % поліакриламідному гелі за методикою [8]. Високомолекулярні субодиниці глютенінів розділяли електрофорезом у присутності додецилсульфату натрію (SDS) за Laemmli [9]. Алелі гліадинових локусів *Gli-A1, Gli-B1, Gli-D1* позначали відповідно до каталогу [3] з доповненнями [8]. Присутність транслокації 1AL.1RS типу Amigo позначали як алель *Gli-A1w* [8]. На відміну від каталогу гліадинових блоків у публікації Metakovsky et al. [3] відрізняли алель, позначену *Gli-A1x* в публікації 2009 р. [8], що кодує блок, раніше позначений GLD1A9 [2], а саме гамма-гліадин з рухливістю на кислих електрофореграмах трохи меншою за рухливість гамма-гліадина, кодованого алеллю *Gli-A1f* (як у сорту Миронівська 808). У цій статті його позначили *Gli-A1x(9)*. Алелі локусів *Glu-A1, Glu-B1, Glu-D1* позначали за [4] з доповненнями.

Для аналізу алелей маркерів генів стійкості проти збудників хвороб ДНК виділяли з суміші 5 зерен за допомогою комерційного набору на основі силіки NeoPrep_100 (Неоген™, Україна). Для ідентифікації алелей локусу *Lr34* (*Lr34/Yr18/Pm38/Sr57/Bdv1*) проводили мультиплексну ПЛР із праймерами до *caISBP1* та *caSNP12* за Dakouri et al. [10]. Для аналізу гена *Tsn1* чутливості до токсину А збудників піренофорозу і септоріозу колоса застосовували праймери до маркера *fcp623* [5]. Молекулярний маркер *INDEL1* [11] було використано для ідентифікації алелей гена *TDF_076_2D*, що надає помірну стійкість до збудників фузаріозу колоса. ПЛР проводили за допомогою суміші реагентів для ампліфікації ДНК PCR MIX 2x HOT (Неоген™, Україна). Електрофорез продуктів ПЛР проводили у 2 % агарозному гелі з додаванням бромистого етидію.

Гетерогенність сортів враховували при аналізі частот алелей досліджених локусів у групі сортів, при цьому частоту кожної з двох алелей за локусом у гетерогенного сорту приймали за 0,5. Асоціації між алелями досліджених локусів оцінювали за допомогою коефіцієнта phi, для цього дані про генотипи записували з використанням бінарної системи 0,1. Для аналізу відмінностей за частотами алелей між група-

ми сортів, створених до 2010 р. включно та після 2010 р. використовували критерій χ^2 або точний критерій Фішера (http://vassarstats.net/tab2x2.html). Для аналізу розподілу груп сортів різного походження за евклідовими відстанями на основі частот алелей досліджуваних локусів у групах сортів за допомогою DARwin6 (http://darwin.cirad.fr/darwin) методом UPGMA використовували раніше одержані дані для груп сортів української селекції: Селекційно-генетичного інституту (СГІ) (м. Одеса), Миронівського інституту пшениці ім. В. М. Ремесла НААН (МІП) [12, 13].

Результати та обговорення

Гетерогенність за проламіновими локусами виявлено у 11 сортів (38 %), за локусом *Lr34* – 13 %. За рівнем гетерогенних сортів за проламіновими локусами сорти БЦДС є подібними до раніше досліджених сортів МІП і СГІ, де гетерогенність може сягати 50 % у групах сортів певного періоду [13]. Частоти алелей досліджених локусів у групі сортів БЦДС у різні періоди селекції, наведено в табл. 1

За *Gli-A1* у загальній групі білоцерківських сортів виявлено шість алелей. Одним з них (*nnn*) є пшенично-житня транслокація 1AL.1RS від жита Insave як у сорту пшениці Amigo, яку має незареєстрований сорт Раставиця, що був одним з перших українських сортів з цією транслокацією [12]. Відомо, що на 1AL.1RS знаходиться ген стійкості до стеблової іржі *Sr1RS^{Amigo}*, який є ефективним проти всіх відомих біотипів раси стеблової іржі Ug99 [15]. Серед сортів БЦДС, створених до 2011 р., переважала алель *Gli-A1c,* а серед сортів, створених після 2010 р. – алель *Gli-A1x(9).* Частоти цих алелей у двох групах сортів різних періодів селекції статистично істотно відрізняються (P = 0,02 для алелі *c* та P=0,005 для алелі *x(9)*). Зростання частоти алелі *x(9)* також було раніше виявлено серед сортів іншої селекційної установи зони Центрального Лісостепу України – МІП [13].

Достатньо високу різноманітність алелей виявлено також за мінорним локусом *Gli-A3*, де серед білоцерківських сортів ідентифіковано чотири алелі (п'ять з врахуванням 1AL.1RS). Серед сортів, створених до 2011 р., найбільшу частоту має алель *Gli-A3a,* також достатньо часто зустрічаються алелі *b* та *c*. У групі сортів, створених після 2010 р., переважає алель *Gli-A3c*, де її мають 46 % сортів. Висока частота *Gli-A3c* є характерною саме для групи сортів БЦДС. Частота *Gli-A3c* у групі білоцерківських сортів статистично істотно вища за його частоту в групах сортів МІП (P=0,05) та Національного наукового центру «Інститут землеробства» НААН (P=0,02) [12]. Ця алель не зустрічалася серед раніше проаналізованих сортів СГІ та Інституту рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН [12, 13].

Таблиця 1. Частоти алелей локусів запасних білків та генів стійкості у вибірках сортів селекції БЦДС

Gli-A1	B1-2*	B3**	*Gli-A3*	B1-2	B3	*Lr34*	B3
b	0,176	0,125	*a*	**0,529**	**0,292**	*R*	**0,615**
c	**0,500**	0,042	*b*	**0,265**	0,167	*S*	0,385
f	0,147	0,042	*c*	0,147	**0,458**		
o	0,000	0,125	*d*	0,000	0,083		
w	0,059	0,000	*nnn*	0,059	0,000		
x(9)	0,118	**0,667**					
Gli-B1			*Glu-A1*			*Tsn1*	
b	**0,588**	**0,375**	*a*	**0,412**	**0,292**	*R*	0,231
d	0,088	0,042	*b*	**0,412**	**0,625**	*S*	**0,769**
e	0,059	0,083	*c*	0,176	0,083		
f	0,000	0,042	*Glu-B1*			*TDF_076_2D*	
l	**0,265**	**0,458**	*u*	0,029	0,000	*R*	**1,000**
Gli-D1			*c*	**0,971**	**1,000**	*S*	0,000
b	**0,824**	**0,875**					
f	0,059	0,083	*Glu-D1*				
g	0,118	0,042	*d*	**1,000**	**1,000**		

Примітки: *B1-2 – сорти, створені до 2011 р. **B3 – сорти, зареєстровані після 2010 р.

Серед п'яти алелей локусу *Gli-B1* у вибірці сортів БЦДС переважають дві – алель *b* (59 %) та алель *l* (27 %), що кодує блок омега-секалінів і є маркером пшенично-житньої транслокації 1BL.1RS від жита Petkus, яка несе гени стійкості проти біотрофних збудників хвороб *Sr31, Pm8, Lr26, Yr9* [15]. Варто відмітити, що алелі *b* та *l* також є переважними алелями серед сортів МІП [13].

За локусом *Gli-D1* серед білоцерківських сортів переважає алель *b* (83 %), що також характерно для сортів МІП [13].

Всі білоцерківські сорти з дослідженої вибірки мають алель *Glu-D1d*, що кодує високомолекулярні субодиниці глютенінів 5+10, пов'язані з високим рівнем хлібопекарської якості [4]. За локусом *Glu-A1* також переважають алелі «високої якості» *a* та *b*. За *Glu-B1* всі сорти БЦДС мають алель *c*, хоча інша алель, *u*, ідентифіковано лише у біотипу сорту Білоцерківська напівкарликова.

Серед групи сортів, створених в останні 15 років, переважає алель стійкості гена *Lr34* (*Lr34/Yr18/Pm38/Sr57/Bdv1*), що надає помірну расонеспецифічну стійкість проти низки біотрофних патогенів – збудників іржастих хвороб, борошнистої роси, вірусу жовтої карликовості ячменю [10], а також пов'язаний зі стійкістю до плямистості листя (QTL *QSb.bhu-7D*), що викликається некротрофним грибом *B. sorokiniana* [14]. За частотою алелі *Lr34R* (62 %) група білоцерківських сортів є подібною до групи сортів СГІ та відрізняється від групи сортів МІП, де значно нижча частота носіїв цієї алелі [7, 12]. Частота алелі нечутливості до токсину А некротрофних патогенів, *Pyrenophora tritici-repentis*, *Parastagonospora nodorum* [5], та *B. sorokiniana* [6] є нижчою ніж у попередньо досліджених групах сортів (23 %). Водночас, всі досліджені сорти БЦДС мають ген *TDF_076_2D*, що надає помірну стійкість до збудників фузаріозу колоса [11].

У загальній вибірці білоцерківських сортів виявлено невипадкові асоціації пар певних алелей локусів запасних білків, зокрема, з участю маркера транслокації 1BL.1RS (табл. 2).

Також у загальній вибірці білоцерківських сортів виявлено невипадкові трьохлокусні асоціації з такими алелями: *Gli-A1c Gli-B1b Gli-A3a* (χ^2 = 6,4, P<0,05) та *Gli-A1x Gli-B1l Gli-A3c* (χ^2 = 15,8, P < 0,01). Перша трьохлокусна асоціація є характерною для сортів першого періоду селекції (зокрема, Білоцерківська 47, Лісова пісня, Романтика, Царівна). Друга асоціація переважає серед сортів, створених після 2010 р. (наприклад, Квітка полів, Муза білоцерківська, Чародійка білоцерківська), але вона з'явилась вже у сортів Веселка (рік реєстрації – 1997) та у сорту Перлина лісостепу (2001), який є у родоводі багатьох сортів БЦДС.

Дендрограму генетичної подібності між групами українських сортів пшениці м`якої на основі частот алелей локусів запасних білків та маркерів генів стійкості проти збудників хвороб у цих групах показано на рисунку. На дендрограмі група білоцерківських сортів, створених у зоні Центрального Лісостепу України, розміщується в одному кластері з групами сортів МІП, що також належить до зони Центрального Лісостепу, тоді як групи сортів СГІ зони Степу України формують окремий кластер (рис.).

Таблиця 2. Істотні асоціації алелей серед сортів селекції БЦДС

Алелі	phi	P
Gli-A1x Gli-B1l	+0,48	0,017
Gli-B1l Gli-A1c	+0,45	0,032
Gli-A1x Gli-A3c	+0,55	0,005
Gli-A1c Gli-B1b	+0,51	0,016
Gli-A1c Gli-A3a	+0,61	0,002

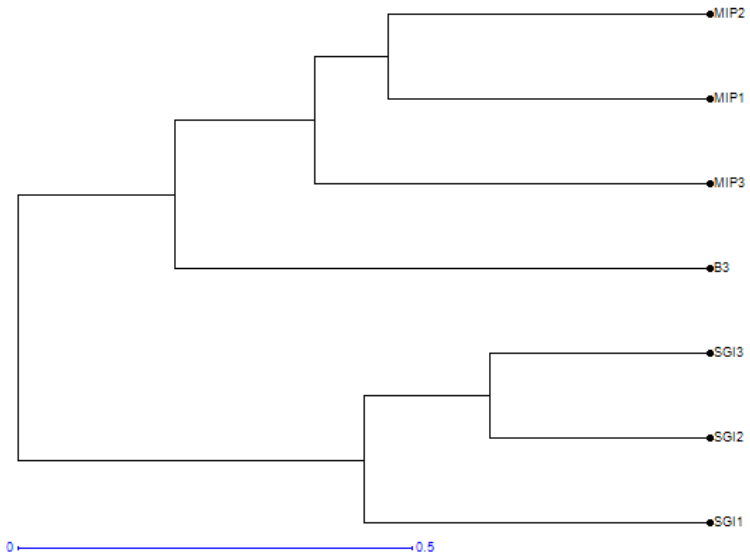

Рис. Дендрограма генетичної подібності між групою білоцерківських сортів пшениці м`якої (B3) та групами сортів СГІ (SGI) та МІП (MIP) на основі частот алелей локусів запасних білків та маркерів генів стійкості проти збудників хвороб, побудована з використанням методу UPGMA. 1 – створені до 1996 р., 2 – протягом 1996–2010 рр., 3 – після 2010 р.

Висновки

Група білоцерківських сортів за набором і частотами алелей основних проламінових локусів є подібною до іншої групи зони Центрального Лісостепу – групи сортів МІП. Для групи сортів БЦДС, подібно до сортів МІП, виявлено зростання частоти алелі *Gli-A1x(9)*, що свідчить про адаптивне значення ділянки, яку він маркерує. Особливістю групи сортів БЦДС є висока частота алелі *c* мінорного локусу *Gli-A3* і невипадкова асоціація алелей *Gli-A1x Gli-B1l Gli-A3c*. Ця асоціація, очевидно, вперше сформувалася у сорту Перлина Лісостепу і присутня у пізніших сортах, створених з його участю. Водночас група білоцерківських сортів відрізняється за частотами алелей маркерів низки генів стійкості проти збудників хвороб від групи сортів МІП.

Роботу написано за результатами виконання науково-дослідних робіт № ДР 0123U100962 та 0121U000082.

References

1. Semagn K., Iqbal M., Alachiotis N., N'Diaye A., Pozniak C., Spaner D. Genetic diversity and selective sweeps in historical and modern Canadian spring wheat cultivars using the 90K SNP array. *Sci. Rep.* 2021. Vol. 11. P. 23773. doi: 10.1038/s41598-021-02666-5.
2. Sozinov A., Sozinov I., Kozub N., Sobko T. Stable gene associations in breeding and evolution of grasses. Evolutionary Theory and Processes: Modern Perspectives. Papers in Honor of Eviatar Nevo. ed. by Wasser S.P. Kluwer Academic Publishers. 1999. P. 197–113. doi: 10.1007/978-94-011-4830-6_7.
3. Metakovsky E., Melnik V., Rodriguez-Quijano M., Upelniek V., Carrillo J.M. A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm. *The Crop Journal.* 2018. Vol. 6 (6). P. 628–641. doi: 10.1016/j.cj.2018.02.003.
4. Payne P. I. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annu. Rev. Plant Physiol.* 1987. Vol. 38. P. 141–153.
5. Faris J. D., Zhang Z., Lu H., Lu S., Reddy L., Cloutier S., Fellers J. P., Meinhardt S. W., Rasmussen J. B., Xu S. S., Oliver R. P., Simons K. J., Friesen T. L. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2010. Vol. 107 (30). P. 13544–13549. doi: 10.1073/pnas.1004090107.
6. Friesen T. L., Holmes D. J., Bowden R. L., Faris J. D. ToxA is present in the U.S. *Bipolaris sorokiniana* population and is a significant virulence factor on wheat harboring *Tsn1*. *Plant Dis*. 2018. Vol. 102. P. 2446–2452. doi: 10.1094/pdis-03-18-0521-re.
7. Karelov A. V., Pirko Ya. V., Kozub N. A., Sozinov I. A., Pirko N. N., Litvinenko N. A., Lyfenko S. F., Koliuchii V. T., Blume Ya. B., Sozinov A. A. Identification of the allelic state of the *Lr34* leaf rust resistance gene in soft winter wheat cultivars developed in Ukraine. *Cytol. Genet*. 2011. Vol. 45 (5). P. 271–276. doi: 10.3103/S0095452711050069.
8. Kozub N. A., Sozinov I. A., Sobko T. A., Kolyuchii V. T., Kuptsov S. V., Sozinov A. A. Variation at storage protein loci in winter common wheat cultivars of the Central Forest-Steppe of Ukraine. *Cytol. Genet.* 2009. Vol. 43 (1). P. 55–62. doi: 10.3103/S0095452717020050.

9. Laemmli U. K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. 1970. Vol. 227 (5259). P. 680–685. doi: 10.1038/227680a0.
10. Dakouri A., McCallum B. D., Walichnowski A. Z., Cloutier S. Fine-mapping of the leaf rust *LR34* locus in *Triticum aestivum* (L.) and characterization of large germplasm collections support the ABC transporter as essential for gene function. *Theor. Appl. Genet*. 2010. Vol. 121. P. 373–384. doi: 10.1007/s00122-010-1316-7.
11. Diethelm M., Schmolke M., Groth J., Friedt W., Schweizer G., Hartl L. Association of allelic variation in two *NPR1*-like genes with *Fusarium* head blight resistance in wheat. *Mol. Breeding*. 2014. Vol. 34. P. 31–43. doi: 10.1007/s11032-013-0010-2.
12. Kozub N. A., Sozinov I. A., Karelov A. V., Blume Y. B., Sozinov A. A. Diversity of Ukrainian winter common wheat varieties with respect to storage protein loci and molecular markers for disease resistance genes. *Cytol. Genet.* 2017. Vol. 51(2). P. 117–129. doi:10.3103/S0095452717020050.
13. Kozub N. O., Sozinov I. O., Chaika V. M., Sozinova O. I., Janse L. A., Blume Ya .B. Changes in allele frequencies at storage proteins of winter common wheat under climate change. *Cytol. Genet*. 2020. Vol. 54 (4). P. 305–317. doi: 10.3103/S0095452720040076.
14. Kumar S., Singh R. P., Joshi A. K., Röder M. S., Chhuneja P., Mavi G. S., Kumar U. Association of *Lr34* gene complex with spot blotch disease resistance at molecular level in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Indian J. Genet. Plant Breed*. 2018. Vol. 78. P. 302–308. doi: 10.31742/ijgpb.78.3.11.
15. McIntosh R. A. Catalogue of Gene Symbols. Gene Catalogue 2013. Retrieved from: https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/2013/GeneSymbol.pdf.

KOZUB N. O.[1,2], SOZINOV I. O.[1], BIDNYK H. Ya.[1,2], DEMIANOVA N. O.[1,2], SOZINOVA O. I.[1,2], KUCHERIAVYI I. I. [1], BORZYKH O. I.[1], BLUME Ya. B.[2]
[1] Institute of Plant Protection, NAAS,
Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylkivska str., 33
[2] Institute of Food Biotechnology and Genomics, NAS of Ukraine,
Ukraine, 04123, Kyiv, Baidy-Vyshnevetskogo str., 2a

CHARACTERIZATION OF BILA TSERKVA WINTER COMMON WHEAT CULTIVARS WITH RESPECT TO MARKER LOCI

Aim. We studied special features of the sample of Bila Tserkva winter common wheat cultivars with respect to storage protein loci and some disease resistance genes. ***Methods.*** To identify alleles at gliadin and high-molecular-weight glutenin loci, acid polyacrylamide gel electrophoresis and SDS-electrophoresis of grain proteins were carried out. Alleles of markers for the disease resistance genes *Lr34, Tsn1,* and *TDF_076_2D* were identified using PCR. ***Results.*** The composition and frequencies of alleles at the *Gli-1, Glu-1,* and *Gli-A3 loci* were studied in samples of Bila Tserkva cultivars released before 2011 and after 2010. For the latter group of cultivars, alleles of the disease resistance gene markers were identified. We observed a significant increase in the frequency of the allele *Gli-A1x(9)* and a decrease in the frequency of *Gli-A1c,* as well as a tendency for an increase in the frequency of *Gli-A3c*. In the total sample of Bila Tserkva cultivars, nonrandom associations of pairs of certain storage protein alleles were revealed. ***Conclusions.*** The group of Bila Tserkva cultivars is similar to the previously studied groups of the Central Forest Steppe of Ukraine with respect to allele set and frequencies of the main prolamin loci, but differs in the frequencies of the disease resistance genes. A special feature of the group of Bila Tserkva cultivars is a high frequency of the allele *c* at the minor locus *Gli-A3,* as well as the allele association *Gli-A1x Gli-B1l Gli-A3c*.
Keywords: *Triticum aestivum*, storage proteins, disease resistance genes, 1BL.1RS.