

СЕЛЕКЦИЯ И СЕМЕНОВОДСТВО СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ

УДК 633.358:575.113:577.212.3

DOI: 10.31367/2079-8725-2025-100-5-5-12

АНАЛИЗ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ И УРОВНЕЙ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА *LEC1* У СОРТООБРАЗЦОВ ГОРОХА С РАЗЛИЧНЫМ СОДЕРЖАНИЕМ ЗАПАСНЫХ БЕЛКОВ СЕМЯН

К. П. Гайнуллина^{1,2}, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории геномики растений, старший научный сотрудник лаборатории селекции и семеноводства зерновых, зернобобовых, кормовых культур и экологии почв, karina28021985@yandex.ru, ORCID ID: 0000-0001-6246-1214;

Е. А. Заикина¹, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории геномики растений, evisheva@yandex.ru, ORCID ID: 0000-0003-1070-0804;

Б. Р. Кулуев¹, доктор биологических наук, заведующий лабораторией геномики растений, kuluev@bk.ru, ORCID ID: 0000-0002-1564-164X;

Ф. А. Давлетов^{2,3}, доктор сельскохозяйственных наук, заведующий лабораторией селекции и первичного семеноводства зернобобовых и крупяных культур, главный научный сотрудник лаборатории селекции и семеноводства зерновых, зернобобовых, кормовых культур и экологии почв, davletovfa@mail.ru, ORCID ID: 0000-0002-7421-869X

¹Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, 450054, Республика Башкортостан, г. Уфа, пр-кт Октября, 71/1Е;

²Опытная станция «Уфимская» – обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, 450535, Республика Башкортостан, Уфимский район, с. Черноресовский, ул. Тополиная, 1;

³Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства – обособленное структурное подразделение Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, 450059, Республика Башкортостан, г. Уфа, ул. Рихарда Зорге, 19

Горох посевной является одним из лучших источников растительного белка, содержащего все незаменимые аминокислоты. Генетические детерминанты, контролирующие биосинтез и накопление запасных белков усемян гороха, в настоящее время остаются малоизученными. Известно, что данные процессы, наряду с развитием и созреванием семян, регулируются генами транскрипционных факторов *LEC1*, *LEC2*, *ABI3*, *FUS3*. В связи с этим целью нашего исследования стал анализ нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *LEC1* и уровней его экспрессии у высоко- и низкobelковых сортообразцов для поиска молекулярных маркеров, ассоциированных с содержанием протеина в семенах гороха. Опыты проводили в 2021–2024 годах. Материалом исследования послужили 110 сортов и линий гороха из коллекции ВИР. Содержание запасных белков семян определяли по методу Бредфорда. Выделение ДНК проводили набором «Genomic DNA PurificationKit» («ThermoFisherScientific», США). Праймеры к гену *LEC1* были подобраны впервые с помощью программы «PrimerSelect» («DNAStar», США). Секвенирование выполняли на генетическом анализаторе «ABI Prism 3500» («AppliedBiosystems», США). Нуклеотидные последовательности анализировали с помощью программы «MegAlign» («DNAStar», США). В результате исследования нами были отобраны две группы, включающие 12 сортов и линий гороха с высоким ($23,5 \pm 0,4$ – $26,1 \pm 0,5$ %) и 10 – с низким ($18,0 \pm 0,3$ – $19,7 \pm 0,3$ %) содержанием белка в семенах. Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей гена *LEC1* у высоко- и низкobelковых сортообразцов позволил выявить ранее не описанные однонуклеотидные замены в позициях 884 (G/A), 1041 (C/T), 1076 (C/T), 1201 (T/C), 1268 (G/T) п.н. и инсерцию в позиции 696/697 (C) п.н. Установлено, что на ранней стадии развития семян (5-е сутки после опыления) у большинства низкobelковых сортов и линий гороха уровни экспрессии гена транскрипционного фактора *LEC1* были достоверно выше, чем у высокобелковых.

Ключевые слова: *Pisumsativum* L., запасные белки семян, транскрипционные факторы, *LEC1*, генетический полиморфизм.

Для цитирования: Гайнуллина К. П., Заикина Е. А., Кулуев Б. Р., Давлетов Ф. А. Анализ нуклеотидных последовательностей и уровней экспрессии гена *LEC1* у сортообразцов гороха с различным содержанием запасных белков семян // Зерновое хозяйство России. 2025. Т. 17, № 5. С. 5–12. DOI: 10.31367/2079-8725-2025-100-5-5-12.



ANALYSIS OF NUCLEOTIDE SEQUENCES AND EXPRESSION LEVELS OF THE *LEC1* GENE IN PEA VARIETIES WITH DIFFERENT PERCENTAGE OF SEED STORAGE PROTEIN

K. P. Gainullina^{1,2}, Candidate of Biological Sciences, senior researcher of the laboratory for plant genomics, senior researcher of the laboratory for breeding and seed production of grain, leguminous, feed crops and soil ecology, karina28021985@yandex.ru, ORCID ID: 0000-0001-6246-1214;

E. A. Zaikina¹, Candidate of Biological Sciences, researcher of the laboratory for plant genomics, evisheva@yandex.ru, ORCID ID: 0000-0003-1070-0804;

B. R. Kuluev¹, Doctor of Biological Sciences, head of the laboratory for plant genomics, kuluev@bk.ru, ORCID ID: 0000-0002-1564-164X;

F. A. Davletov^{2,3}, Doctor of Agricultural Sciences, head of the laboratory for breeding and primary seed production of legumes and groats, chief researcher of the laboratory for breeding and seed production of grain, leguminous, feed crops and soil ecology, davletovfa@mail.ru, ORCID ID: 0000-0002-7421-869X

¹*Institute of Biochemistry and Genetics, a separate structural subdivision*

of the FSBSI of the Ufa Federal Research Center of the RAS, 450054, Republic of Bashkortostan, Ufa, Oktyabrya Avenue, 71, lit. 1E

²*Experimental Station "Ufimskaya", a separate structural subdivision*

of the FSBSI of the Ufa Federal Research Center of the RAS, 450535, Republic of Bashkortostan, Ufa region, v. of Chernolesovsky, Topolinaya Str., 1;

³*Bashkiria Research Institute of Agriculture, a separate structural subdivision of the FSBSI of the Ufa Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, 450059, Republic of Bashkortostan, Ufa, RikhardZorge Str., 191*

Peas is one of the best sources of plant protein containing all essential amino acids. Genetic determinants that control biosynthesis and accumulation of seed storage proteins in peas currently remain poorly studied. It is known that these processes, along with seed development and maturation, are regulated by the genes of transcription factors *LEC1*, *LEC2*, *ABI3*, *FUS3*. In this regard, the purpose of the current study was to analyze the nucleotide sequences of the coding region of the *LEC1* gene and its expression levels in high- and low-protein varieties to identify molecular markers associated with protein percentage in pea seeds. The experiments were carried out in 2021–2024. The study material was 110 pea varieties and lines from the VIR collection. The percentage of seed storage protein was determined using the Bradford method. DNA was isolated using the Genomic DNA Purification Kit ("Thermo Fisher Scientific", USA). Primers for the *LEC1* gene were first selected using the PrimerSelect program ("DNASTar", USA). Sequencing was performed on an ABI Prism 3500 genetic analyzer ("Applied Biosystems", USA). Nucleotide sequences were analyzed using the MegAlign program ("DNASTar", USA). As a result, there have been selected two groups, including 12 pea varieties and lines with high ($23.5 \pm 0.4 - 26.1 \pm 0.5$ %) and 10 with low ($18.0 \pm 0.3 - 19.7 \pm 0.3$ %) protein percentage in seeds. Comparative analysis of the nucleotide sequences of the *LEC1* gene in high- and low-protein variety samples has allowed identifying previously undescribed single nucleotide substitutions at positions 884 (G/A), 1041 (C/T), 1076 (C/T), 1201 (T/C), 1268 (G/T) bp and an insertion at position 696/697 (C) bp. There has been found that at the early stage of seed development (the 5th day after pollination) of the most low-protein pea varieties and lines the expression levels of the gene of the transcription factor *LEC1* were significantly higher than in the high-protein pea varieties.

Keywords: *Pisumsativum L.*, seed storage protein, transcription factors, *LEC1*, genetic polymorphism.

Введение. В основе продовольственной безопасности каждой страны лежит обеспечение населения полноценными продуктами питания с оптимальным уровнем калорийности и содержания белка. Основным источником растительного протеина выступают зернобобовые культуры, среди которых наиболее распространенной является горох посевной (*Pisumsativum L.*) (Браилова и др., 2020). По посевным площадям зернового гороха Россия занимает второе место в мире, уступая лишь Канаде (Фадеева и Шурхаева, 2020). Широкое распространение гороха объясняется его высокой урожайностью, питательностью зерна, сбалансированностью аминокислотного состава, замечательными вкусовыми качествами (Голопятов и Кондрашин, 2020).

Тем не менее на большей территории нашей страны в условиях достаточно холодного климата, короткого светового дня и связанной с этим небольшой продолжительностью периода вегетации, во время которого сочетание метеорологических условий благоприятно

для развития растений, отмечается тенденция к снижению содержания ценного легкоусвояемого белка в семенах гороха (Клочков и др., 2019). В качестве современного подхода к решению данной проблемы может рассматриваться внедрение маркер-ориентированной селекции (MAS-селекции) для контроля наследования высокого содержания протеина в зерне гороха с помощью ДНК-маркеров. Однако генетические детерминанты, определяющие высокое содержание запасных белков в семенах данной зернобобовой культуры, остаются неизвестными (Гайнуллина и др., 2023). Их идентификация позволит значительно ускорить работу селекционеров по созданию высокобелковых сортов гороха в условиях изменяющегося климата.

Известно, что у гороха созревание семян и интенсивное накопление в них питательных веществ находится под контролем факторов транскрипции *LEC1*, *LEC2*, *FUS3* и *ABI3* (Malovichko et al., 2020). Однако механизмы регуляции данных процессов транскрипционны-

ми факторами у гороха все еще остаются малоизученными. Было установлено, что у *A. thaliana* транскрипционные факторы *LEC1* и *LEC1L* активируют синтез транскрипционных факторов *LEC2*, *FUSCA3* (*FUS3*) и *ABI3*, совместное действие которых стимулирует транскрипцию генов запасных белков семян (Vermaetal., 2022). Кроме того, эктопическая экспрессия гена *LEC1* у арабидопсиса приводит к индукции генов SSP (SeedStorageProteins – запасные белки семян) (Vetricietal., 2021). Для гороха информация о первичной структуре гена *LEC1* доступна в базе данных GenBank (X66368), что дает возможность подобрать праймеры и провести сравнительное изучение нуклеотидных последовательностей этого гена, а также уровней его экспрессии у сортов и линий, контрастно различающихся по содержанию запасных белков семян.

Целью исследования стал поиск молекулярных маркеров, ассоциированных с высоким содержанием протеина в семенах гороха. В задачи исследования входило: 1 – выделение высоко- и низкобелковых сортообразцов гороха посевного; 2 – сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *LEC1* у сортообразцов гороха, контрастно различающихся по содержанию запасных белков семян; 3 – изучение динамики экспрессии гена *LEC1* у высоко- и низкобелковых сортообразцов гороха на разных этапах развития семян.

Материалы и методы исследований.

Исследования проводили в лаборатории геномики растений Института биохимии и генетики УФИЦ РАН в 2021–2024 годах. Материалом для исследования послужили 110 сортообразцов гороха посевного различного эколого-географического происхождения из коллекции генетических ресурсов зернобобовых культур ВИР.

Содержание протеина в семенах гороха определяли по методу Бредфорда (Bradford, 1976). ДНК выделяли из 5–7-дневных проростков набором «Genomic DNA PurificationKit» («ThermoFisherScientific», США). Для амплификации кодирующего участка гена *LEC1* размером 972 п.н. использовали праймеры Ps_LEC1_F 5'-ATAACAATACGACCACCCTCTCC-3' и Ps_LEC1_R 5'-ACAACATTAGCCTCTTACCATTTC-3' («Евроген», Россия), подобранные авторами впервые с помощью программы PrimerSelect («DNASar», США). Нуклеотидная последовательность данного гена взята из базы данных GenBank (EU825771.1). ПЦР проводили в амплификаторе «T-100» («Bio-Rad», США). Конечный объем реакционной смеси составлял 25 мкл и содержал 1 мкл раствора геномной ДНК, 12,5 мкл раствора DreamTaq™ PCR MasterMix (2x) («ThermoFisherScientific», США), по 1 мкл каждого праймера и 9,5 мкл стерильной воды («Диаэм», Россия). Амплификацию проводили по следующей программе: начальная денатурация при 95 °C – 3 мин; 40 циклов: денатурация при 95 °C – 30 с, отжиг праймеров при 55 °C –

40 с, элонгация при 72 °C – 1 мин 10 с; конечная элонгация при 72 °C – 10 мин. Продукты амплификации разделяли методом горизонтального электрофореза в камере Sub-Cell GT («Bio-Rad», США) в 1%-магарозном геле в течение 1 ч при напряжении 120 В. Визуализацию и документирование результатов электрофореза осуществляли в гель-документирующей системе GelDoc™ EZ System («Bio-Rad», США) с помощью программного обеспечения ImageLab™ Software. Перед секвенированием полученные ампликоны очищали набором реагентов «diaGene» («Диаэм», Россия).

Количественное определение содержания мРНК (после конверсии в кДНК) гена *LEC1* проводили методом количественной ОТ-ПЦР в режиме реального времени в присутствии интеркалирующего красителя SYBR Green I в термоциклере Rotor-Gene™ 6000 («CorbettResearch», Австралия). Последовательности праймеров для ОТ-ПЦР были подобраны впервые с помощью программы PrimerSelect (DNASar, США): Ps_LEC1_RT_F 5'-CGGGTTTACGTTCTTCATC-3' и Ps_LEC1_RT_R 5'-TATCACAACATTAGCCTCTTCAC-3' («Евроген», Россия). Размер ПЦР-продукта составил 250 п.н. В качестве стандарта использовали мРНК гена в-тубулина, уровень экспрессии которого принимали за 100%.

Секвенирование проводили в конечном объеме реакционной смеси 10 мкл, содержащей 1 мкл праймера, 1 мкл очищенной ДНК-матрицы, 7,5 мкл стерильной деионизированной воды и 0,5 мкл BigDyeTerminator v3.1 («AppliedBiosystems», США). Последовательность циклов секвенирующей реакции была следующей: денатурация при 96 °C в течение 10 с, отжиг праймера при Tm в течение 5 с и элонгация при 60 °C в течение 4 мин для всех 30 циклов. Флуоресцентно меченые продукты амплификации анализировали с использованием генетического анализатора ABI Prism 3500 («AppliedBiosystems», США). Секвенирование исследуемого участка гена *LEC1* каждого сортообразца проводили с двух концов при помощи прямого и обратного праймеров в трех биологических и двух технических повторностях. Далее для каждого сортообразца путем выравнивания полученных нуклеотидных последовательностей было составлено по одной консенсусной последовательности с использованием программы MegAlign («DNASar, США»). Также с помощью данной программы выполняли компьютерный анализ нуклеотидных последовательностей, нумерацию нуклеотидов осуществляли по референсному гену *LEC1* из GenBank. Статистическую обработку результатов исследования проводили с использованием программы MicrosoftExcel.

Результаты и их обсуждение. Содержание протеина в семенах гороха мировой коллекции составляет 15,8–32,1 % (Бобков и Уварова, 2021). В 2021–2024 гг. среди 110 изученных нами сортообразцов гороха различного эко-

лого-географического происхождения было (18,0±0,3 – 19,7±0,3 %) содержанием белка в семенах (табл. 1).
выделено 12 сортов и линий с наибольшим (23,5±0,4 – 26,1±0,5%) и 10 – с наименьшим

Таблица 1. Характеристика сортообразцов гороха с достоверно ($p<0,05$) более высоким и низким содержанием запасных белков семян (в среднем за 2021–2024 гг.)
Table 1. Characteristics of pea varieties with significantly ($p<0,05$) higher and lower percentage of seed storage protein (mean in 2021–2024)

№	Каталожный номер ВИР	Сорт, линия	Происхождение	Содержание белка в семенах
Высокобелковые сортообразцы				
1	K-9774	Степняк	Россия, Самарская обл.	23,5±0,4%
2	K-10224	Асс 339	Сирия	23,5±0,4%
3	K-1768	Штамбовый Мальцева	Россия, Воронежская обл.	23,7±0,3%
4	K-9407	Аванс	Россия, Алтайский край	23,7±0,4%
5	K-9432	Эффектный	Украина	26,1±0,5%
6	K-9457	3698/04	Россия, Тюменская обл.	24,1±0,4%
7	K-9524	–	Франция	25,0±0,3%
8	K-8788	Орел-326	Россия, Орловская обл.	23,7±0,4%
9	K-8793	Орел-332	Россия, Орловская обл.	23,7±0,3%
10	K-9383	Северянин	Россия, Кировская обл.	23,8±0,4%
11	K-5459	Батрак	Россия, Орловская обл.	23,5±0,3%
12	K-6109	Cobri	Нидерланды	25,5±0,5%
Низкобелковые сортообразцы				
13	K-8613	Wav 27101	Англия	18,0±0,3%
14	K-8972	SH 91-6-5-1-1-5	Болгария	19,0±0,2%
15	K-9950	Chlorotica	Швеция	18,0±0,3%
16	K-9772	Фрегат	Россия, Татарстан	19,5±0,3%
17	K-3196	–	Турция	19,7±0,3%
18	K-7503	76-16-16	США	19,4±0,2%
19	K-8902	Ascona	Нидерланды	18,7±0,4%
20	K-9392	L-29201282	Австралия	18,6±0,3%
21	K-9393	L-29201428	Австралия	18,6±0,2%
22	K-9479	PeragisBeisaaterbse	Германия	19,7±0,3%

У сортообразцов, представленных в таблице 1, было проведено секвенирование, сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей и уровней экспрессии гена *LEC1*. В результате амплификации геномной ДНК

этих сортообразцов с праймерами, подобранными к кодирующему участку гена *LEC1*, были получены фрагменты размером около 972 п.н. (рис. 1).

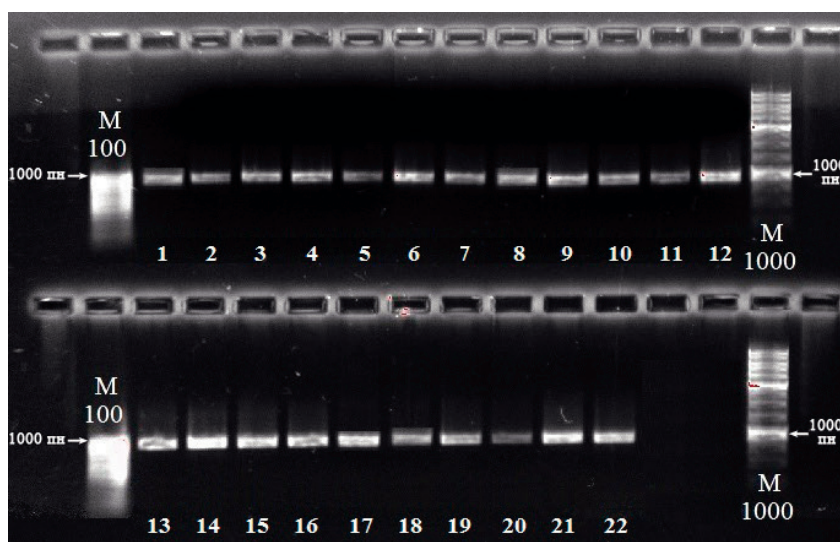


Рис. 1. Электрофоретические спектры, полученные при амплификации кодирующего участка гена *LEC1* у высоко- и низкобелковых сортов и линий гороха*

Fig. 1. Electrophoretic spectra obtained by amplifying the coding region of the *LEC1* gene in high- and low-protein pea varieties and lines*

Примечание. * – нумерация сортообразцов соответствует таблице 1. М 100 – ДНК-маркер 1000/10С («diaGene», Россия), М 1000 – ДНК-маркер High DNA Mass Ladder («Thermo Fisher Scientific», США).

После секвенирования ампликонов проводили выравнивание нуклеотидных последовательностей и их сравнительный анализ. В результате было обнаружено пять ранее

не описанных однонуклеотидных замен и одной однонуклеотидной инсерции, по которым наблюдались различия между изученными нами сортами (табл. 2).

Таблица 2. Результаты сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *LEC1* у высоко- и низкобелковых сортов и линий гороха
Table 2. Comparative analysis of nucleotide sequences of the coding region of the *LEC1* gene in high- and low-protein pea varieties and lines

Номер последовательности в GenBank, каталожный номер сорта/образца ВИР	Различия в нуклеотидных последовательностях, позиция (п.н.)*					
	696–697	884	1041	1076	1201	1268
EU825771.1	–	G	C	C	T	G
Высокобелковые сорта и линии						
К-9524 (Франция)	C***	A**	C	C	T	G
К-9457 (Тюменская область)	–	G	C	C	T	G
К-9383 (Северянин)	–	G	C	C	T	G
К-1768 (Штамбовый Мальцева)	C***	A**	C	C	T	G
К-9407 (Аванс)	–	G	C	C	T	G
К-5459 (Батрак)	–	G	C	C	T	G
К-6109 (Собри)	–	G	C	C	T	G
К-9432 (Эффектный)	–	G	C	C	T	G
К-8793 (Орел-332)	–	G	C	C	T	G
К-10224 (Сирия)	–	G	C	C	T	T***
К-8788 (Орел-326)	–	G	C	C	T	G
К-9774 (Степняк)	–	G	C	C	T	G
Низкобелковые сорта и линии						
К-9392 (Австралия)	–	A**	T***	T***	T	G
К-9393 (Австралия)	–	A**	T***	T***	T	G
К-9479 (PeragisBeisaaterbse)	–	G	C	C	T	G
К-9772 (Фрегат)	–	G	C	C	C***	G
К-7503 (США)	–	G	C	C	T	G
К-8972 (Болгария)	–	G	C	C	T	G
К-8613 (Великобритания)	–	G	C	C	T	G
К-9950 (Швеция)	–	G	C	C	T	G
К-8902 (Нидерланды)	–	G	C	C	T	G
К-3196 (Турция)	–	A**	C	C	T	G

Примечание. * – нумерация нуклеотидов приведена в соответствии с референсной последовательностью гена *LEC1* из GenBank (EU825771.1); ** – изменения в нуклеотидных последовательностях гена *LEC1*, обнаруженные как у высокобелковых, так и у низкобелковых сортов/образцов; *** – изменения в нуклеотидных последовательностях гена *LEC1*, по которым сорта/образцы с высоким и низким содержанием белка отличались друг от друга.

Выявленные нами однонуклеотидные замены в позициях 884 (G/A), 1041 (C/T), 1076 (C/T), 1201 (T/C), 1268 (G/T) п.н. и инсерция в позиции 696/697 (C) п.н. не влияли на содержание белка в семенах, однако три из них – 884A, 1041T и 1076T – встречались только у линий К-9392 и К-9393 австралийской селекции, что позволяет использовать их в качестве маркеров для экспресс-идентификации указанных линий.

Анализ уровней экспрессии гена *LEC1* в семенах изученных сортов/образцов гороха на 5-, 8- и 12-е сутки после опыления показал, что на ранней стадии развития семян у большинства (8 из 10) низкобелковых сортов и линий количественное содержание транскриптов данного гена было достоверно выше, чем у высокобелковых (рис. 2, а).

На 8-е сутки после опыления у всех двенадцати высокобелковых сортов/образцов наблюдалось повышение уровня экспрессии гена *LEC1*, причем у десяти из них очень зна-

чительное – на 90,5–312,5 %, и лишь у двух (К-9407 (Аванс) и К-9383 (Северянин)) – в меньшей степени (на 24,0 и 21,1 % соответственно). В то же время у половины изученных низкобелковых сортов/образцов произошло снижение количественного содержания транскриптов гена *LEC1* на 1,2–34,0 %. Среди оставшихся сортов/образцов из этой группы было отмечено повышение уровня экспрессии гена *LEC1* у сортов Ascona (К-8902), Chlorotica (К-9950), линий L-29201428 (К-9393), Wav 27101 (К-8613) на 2,1–57,9 % и только у одного образца – на 177,8 % (К-9772 (Фрегат)) (рис. 2, б).

На 12-е сутки после опыления в обеих группах сортов/образцов наблюдалось снижение количественного содержания транскриптов гена *LEC1*. Исключение составили низкобелковые сорта/образцы Chlorotica (К-9950), Wav 27101 (К-8613) и высокобелковый сорт Северянин (К-9383), у которых уровень транскрипции изучаемого гена все ещё продолжал незначительно повышаться (на 6,4–16,0%) (рис. 3, в).

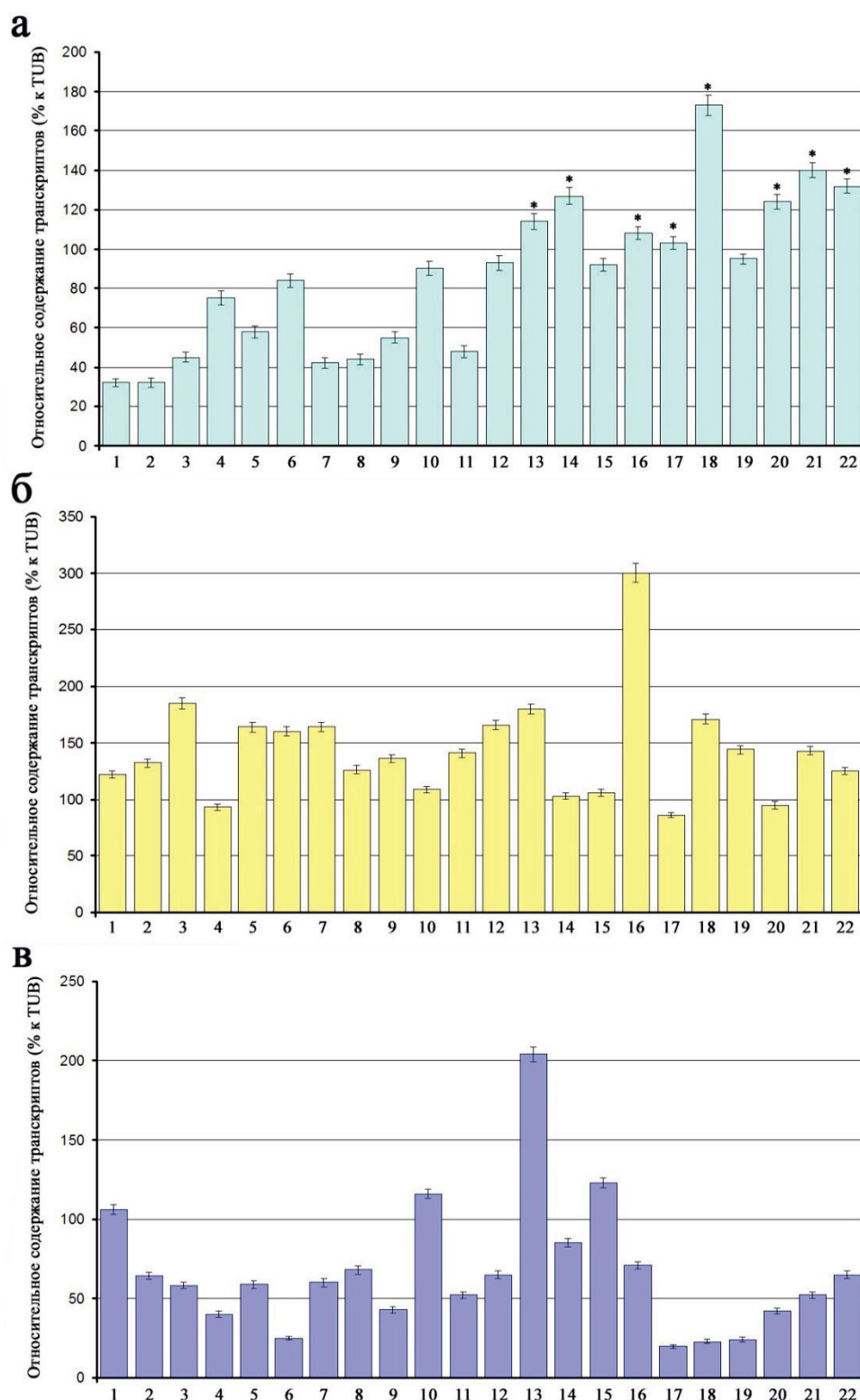


Рис. 2. Результаты анализа экспрессии гена *LEC1* у высоко- и низкobelковых сортообразцов гороха: а – на 5-е сутки после опыления, б – на 8-е сутки после опыления, в – на 12-е сутки после опыления*

Fig. 2. Analysis of the expression of the *LEC1* gene in high- and low-protein pea varieties: а – on the 5th day after pollination, б – on the 8th day after pollination, с – on the 12th day after pollination*

Примечание. * – нумерация сортообразцов соответствует таблице 1. Звездочкой обозначены достоверные различия на 5%-м уровне значимости.

Выводы. В результате сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена транскрипционного фактора *LEC1* усортообразцов гороха, контрастно

различающихся по способности к биосинтезу и накоплению запасных белков семян, выявлены ранее не описанные одонуклеотидные замены в позициях 884 (G/A), 1041 (C/T),

1076 (C/T), 1201 (T/C), 1268 (G/T) п.н. и инсерция в позиции 696/697 (C) п.н. Анализ уровней экспрессии гена *LEC1* в семенах гороха на раннем этапе их развития показал достоверные различия в количественном содержании транскриптов данного гена между высоко- и низкобелковыми сортаобразцами. Полученные данные могут быть использованы при разработке технологий молекулярного анализа

для идентификации высокобелковых генотипов гороха посевного.

Финансирование.

Исследование Кулуева Б. Р., Заикиной Е. А. выполнено в рамках государственного задания Минобрнауки России № 1022040500031-4, работы Гайнуллиной К. П., Давлетова Ф. А. поддержаны грантом Минобрнауки России № 075-15-2025-180 от 17 апреля 2025 года.

Библиографический список

1. Бобков С. В., Уварова О. В. Накопление запасных веществ в семенах дикого и культурного гороха // Земледелие. 2021. № 4. С. 24–27. DOI: 10.24411/0044-3913-2021-10406
2. Браилова И. С., Филатова И. А., Юрьева Н. И., Белоусова Ю. В. Оценка перспективных сортобразцов гороха по качеству и взаимосвязь биохимических показателей с урожайностью и массой 1000 зерен // Зернобобовые и крупяные культуры. 2020. № 3(35). С. 20–25. DOI: 10.24411/2309-348X-2020-11180
3. Гайнуллина К. П., Румянцев С. Д., Давлетов Ф. А., Кулуев Б. Р. Анализ нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *ABI3* у сортобразцов гороха с различным содержанием запасных белков семян // Зерновое хозяйство России. 2023. Т. 15, № 2. С. 34–40. DOI: 10.31367/2079-8725-2023-85-2-34-40
4. Голопяттов М. Т., Кондрашин Б. С. Качество зерна сортов гороха, различающихся по архитектонике листового аппарата, в зависимости от уровня применения минеральных удобрений // Зернобобовые и крупяные культуры. 2020. № 1(33). С. 24–29. DOI: 10.24411/2309-348X-2020-11150
5. Ключков А. В., Соломко О. Б., Ключкова О. С. Влияние погодных условий на урожайность сельскохозяйственных культур // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. 2019. № 2. С. 101–105.
6. Фадеева А. Н., Шурхаева К. Д. Адаптивные свойства сортов гороха селекции Татарского НИИСХ // Зернобобовые и крупяные культуры. 2021. № 4(40). С. 5–14. DOI: 10.24412/2309-348X-2021-4-5-14
7. Bradford, M. M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding // Analytical Biochemistry. 1976. № 72(1–2). P. 248–254. DOI: 10.1006/abio.1976.9999
8. Malovichko Y. V., Shtark O. Y., Vasileva E. N., Nizhnikov A. A., Antonets K. S. Transcriptomic insights into mechanisms of early seed maturation in the garden pea (*Pisum sativum* L.) // Cells. 2020. № 9(3). P. 779–810. DOI: 10.3390/cells9030779
9. Verma S., Attuluri V. P. S., Robert H. S. Transcriptional control of Arabidopsis seed development // Planta. 2022. Vol. 255, Article number: 90. DOI: 10.1007/s00425-022-03870-x
10. Vetrici M. A., Yevtushenko D. P., Misra S. Overexpression of douglas-fir *LEAFY COTYLEDON1* (*PmLEC1*) in *Arabidopsis* induces embryonic programs and embryo-like structures in the *lec1-1* mutant but not in wild type plants // Plants. 2021. № 10(8). Article number: 1526. DOI: 10.3390/plants10081526

References

1. Bobkov S. V., Uvarova O. V. Nakoplenie zapasnykh veshchestv v semenakh dikogo i kul'turnogo gorokha [Accumulation of reserve substances in seeds of wild and cultivated peas] // Zemledelie. 2021. № 4. S. 24–27. DOI: 10.24411/0044-3913-2021-10406
2. Brailova I. S., Filatova I. A., Yur'eva N. I., Belousova Yu. V. Otsenka perspektivnykh sortobraztsov gorokha po kachestvu i vzaimosvyaz' biokhimicheskikh pokazatelei s urozhainost'yu i massoi 1000 zeren [Estimation of promising pea varieties according to quality and correlation of biochemical indicators with productivity and 1000-grain weight] // Zernobobovye i krupyanye kul'tury. 2020. № 3(35). S. 20–25. DOI: 10.24411/2309-348X-2020-11180
3. Gainullina K. P., Rumyantsev S. D., Davletov F. A., Kuluev B. R. Analiz nukleotidnykh posledovatel'nostei kodiruyushchego uchastka gena *ABI3* u sortobraztsov gorokha s razlichnym soderzhaniem zapasnykh belkov semyan [Analysis of nucleotide sequences of the coding region of the *ABI3* gene in pea varieties with different percentage of seed reserve proteins] // Zernovoe khozyaistvo Rossii. 2023. T. 15, № 2. S. 34–40. DOI: 10.31367/2079-8725-2023-85-2-34-40
4. Golopyatov M. T., Kondrashin B. S. Kachestvo zerna sortov gorokha, razlichayushchikhsya po arkhitektonike listovogo apparata, v zavisimosti ot urovnya primeneniya mineral'nykh udobrenii [Grain quality of pea varieties differing in the architectonics of the foliar apparatus, depending on the level of application of mineral fertilizers] // Zernobobovye i krupyanye kul'tury. 2020. № 1(33). S. 24–29. DOI: 10.24411/2309-348X-2020-11150
5. Klochkov A. V., Solomko O. B., Klochkova O. S. Vliyanie pogodnykh uslovii na urozhainost' sel'skokhozyaistvennykh kul'tur [The effect of weather conditions on productivity of agricultural crops] // Vestnik Belorusskoi gosudarstvennoi sel'skokhozyaistvennoi akademii. 2019. № 2. S. 101–105.
6. Fadeeva A. N., Shurkhaeva K. D. Adaptivnye svoistva sortov gorokha seleksii Tatarskogo NIISKH [Adaptive properties of pea varieties developed by the Tatar RIA -14] // Zernobobovye i krupyanye kul'tury. 2021. № 4(40). S. 5–14. DOI: 10.24412/2309-348X-2021-4-5-14
7. Bradford, M. M. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding // Analytical Biochemistry. 1976. № 72(1–2). P. 248–254. DOI: 10.1006/abio.1976.9999

8. Malovichko Y. V., Shtark O. Y., Vasileva E. N., Nizhnikov A. A., Antonets K. S. Transcriptomic insights into mechanisms of early seed maturation in the garden pea (*Pisum sativum* L.) // Cells. 2020. № 9(3). P. 779–810. DOI: 10.3390/cells9030779

9. Verma S., Attuluri V. P. S., Robert H. S. Transcriptional control of Arabidopsis seed development // Planta. 2022. Vol. 255, Article number: 90. DOI: 10.1007/s00425-022-03870-x

10. Vetrici M. A., Yevtushenko D. P., Misra S. Overexpression of douglas-fir *LEAFY COTYLEDON1* (*PmLEC1*) in *Arabidopsis* induces embryonic programs and embryo-like structures in the *lec1-1* mutant but not in wild type plants // Plants. 2021. № 10(8). Article number: 1526. DOI: 10.3390/plants10081526

Поступила: 22.05.25; доработана после рецензирования: 23.06.25; принята к публикации: 24.06.25.

Критерии авторства. Авторы статьи подтверждают, что имеют на статью равные права и несут равную ответственность за плагиат.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Авторский вклад. Кулуев Б. Р. – концептуализация исследования; Гайнуллина К. П., Заикина Е. А. – выполнение опытов и сбор данных; Давлетов Ф. А., Гайнулина К. П. – анализ данных и их интерпретация; Гайнуллина К. П. – подготовка рукописи.

Все авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.