SNP analysis of common wheat baking qualities

Galimova A.A., Zaikina E.A., Kuluev B.R.

Institute of Biochemistry and Genetics - Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences,
Ufa, Russia

E-mail: aiz.galimova@yandex.ru

Key message. The allelic states of waxy genes in genomes A, B and D were studied by genome-specific primers in cultivars and lines of common wheat of the pre-Ural steppe. The studied cultivars and lines revealed differences in genotypes for genome A.

Keywords: *Triticum aestivum*, baking quality, SNP markers, functional markers, waxy genes

Most of the common wheat harvest, one of the main food crops, is represented by grains 3, 4 and 5 quality classes, which in most cases are not suitable for the use in the food industry due to the very low baking qualities of the obtained flour. It is known that a high content of amylose in endosperm starch makes a significant contribution to the formation of high baking qualities of common wheat grains. The aim of our work was to study the allelic state of waxy genes encoding granule-bound starch synthase, a key enzyme in the synthesis of endosperm amylose, in common wheat varieties of the pre-Ural steppe. In the work we used winter and spring cultivars and lines of common wheat, bred and/or being in breeding work at the Chishminsky breeding center of BRIA UFRC RAS. Plant DNA was isolated by salt extraction method. Allelic states of waxy genes were studied by PCR analysis using Wx-7A-F1/R1a, Wx-4A-F2/R2, Wx-7D-F3/R3a primers. Amplification results were detected by horizontal electrophoresis in 1% agarose gel. The allohexaploid nature of common wheat causes the presence of three isoforms of the Waxy protein (Wx-A1, Wx-B1, Wx-D1), which are encoded by the homeologous genes *wx-A1*, *wx-B1*, *wx-D1*. These genes have functionally significant alleles encoding active Wx proteins and null alleles that block Wx protein synthesis. The starch of waxy mutant wheat, which has null alleles for all three waxy genes, lacks amylose (it consists entirely of amylopectin), which leads to low baking qualities. We selected genome-specific primers to identify the functional alleles and null alleles of the waxy gene for each of the genomes A, B, and D. Each of the waxy genes has several alleles; the allele encoding the synthesis of the full-sized functional Waxy protein is commonly defined as the allele *a*; the null allele, in which there is no synthesis of the Waxy functional protein, is defined as the *b* allele. According to preliminary data, the tested cultivars and lines of common wheat carry alleles *a* in B and D genomes, which determine the production of the functional Waxy protein. For genome A, it was found that 40.6% of the studied cultivars and lines carry the allele *a*, and the remaining cultivars carry the null allele *b*.

SNP-анализ хлебопекарных качеств мягкой пшеницы

Галимова А.А., Заикина Е.А., Кулуев Б.Р.

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Федерального государственного
бюджетного научного учреждения Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук,
Уфа, Россия

Аннотация. Исследованы аллельные состояния генов *waxy* в субгеномах A, B и D геном-специфичными праймерами у сортов и линий мягкой пшеницы Предуральской степной зоны. У исследуемых сортов и линий выявлены различия генотипов по субгеному A.

Ключевые слова: *Triticum aestivum*, хлебопекарные качества, SNP-маркеры, функциональные маркеры, *waxy*-гены

Большая часть урожая мягкой пшеницы – одной из основных продовольственных культур, представлена зерном 3, 4 и 5 классов качества, которые в большинстве своем не пригодны для использования в пищевой промышленности из-за очень низких хлебопекарных качеств получаемой муки. Известно, что значительный вклад в формирование хороших хлебопекарных качеств зерна мягкой пшеницы вносит высокое содержание амилозы в составе крахмала эндосперма. Целью нашей работы стало исследование аллельного состояния генов *waxy*, кодирующих грануло-связанную крахмальную синтазу – ключевого фермента синтеза амилозы эндосперма, у сортов мягкой пшеницы Предуральской степной зоны. В работе использовали озимые и яровые сорта и линии мягкой пшеницы, выведенных и/или находящихся в селекционной работе в Чишминском селекционном центре БНИИСХ УФИЦ РАН. Растительную ДНК выделяли методом солевой экстракции. Исследования аллельных состояний генов *waxy* проведены посредством ПЦР-анализа с использованием праймеров Wx-7A-F1/R1a, Wx-4A-F2/R2, Wx-7D-F3/R3a. Результаты амплификации выявляли горизонтальным электрофорезом в 1% агарозном геле. Аллогексаплоидная природа мягкой пшеницы обуславливает наличие трех изоформ Waxy белка (Wx-A1, Wx-B1, Wx-D1), которые кодируются гомеологичными генами *wx-A1*, *wx-B1*, *wx-D1*. Данные гены имеют функционально значимые аллели, кодирующие активные Wx-белки, и нуль-аллели, блокирующие синтез Wx-белка. В составе крахмала *waxy*-мутантных пшениц, имеющих нуль-аллели по всем трем *waxy*-генам, отсутствует амилоза (он полностью состоит из амилопектина), что и обуславливает низкие хлебопекарные качества. Нами подобраны геном-специфичные праймеры для идентификации функциональных аллелей и нуль-аллелей гена *waxy* для каждого из субгеномов A, B и D. Каждый из генов *waxy* имеет несколько аллелей, принято, что аллель, кодирующий синтез полноразмерного функционального белка Waxy, обозначается как аллель *a*; нуль-аллель, при котором синтез функционального белка Waxy отсутствует, обозначают как аллель *b*. По нашим предварительным данным, исследуемые сортообразцы мягкой пшеницы по субгеномам B и D несут аллели *a*, обуславливающие наработку функционального белка Waxy. Для субгенома A было выявлено, что 40,6% исследуемых сортов и линий несут аллель *a*, а остальные сорта несут нуль-аллель *b*.