

Литература

1. Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А. Современные достижения и проблемы биотехнологии сельскохозяйственных животных.- Материалы международной научной конференции. –Дубровицы-2002. -С.44-55.
2. Лобан Н.А. Использование методов ДНК-технологий в селекции свиней - Мат. Межд. науч. конф. «Соврем. дост. и проблемы биотех. с.-х. животных». –Дубровицы.-2002.- С.148-150.
3. Арсиенко Р.Ю., Гладырь Е.А. - Мат. Межд. науч. конф. «Соврем. дост. и проблемы биотех. с.-х. животных».- Дубровицы. -2002.- С.94-96.
4. Urban T., Mikolášová R. et al. A study of associations of the H-FABP genotypes with fat and meat production of pigs. // J. Appl. Genet. 43(4)- 2002.-P. 505-509
5. Gerbts F., Veerkamp J.H., E.van Stenderbergen Fatty acid-Binding proteins: their role in intramuscular fat deposition in pigs 18 // Animal genetics.- 2004.- vol.11. -P.1124-1126.
6. Yang G.S. Pang W.J, Sun S.D, Li Y, Chen G.D. Relationship Between Molecular Marker of Western Main Pig H-FABP Gene and IMF Content //Yi Chuan.- 2005, May; 27(3)-P. 351-356.
7. Шейко И.П., Лобан Н.А, Василюк О.Я. Разработка методов молекулярной генной диагностики и их использование в свиноводстве Беларуси. - Весці НАНБ, Серыя аграрных навук, -2005. - №1. -С.62-65.
8. Михайлова М.Е. ДНК-технологии в животноводстве. - Наука и инновации.-2007.- №1(47).-С.32-36.

Резюме.

Использование ДНК-типирования позволяет ускорить племенную оценку по мясной продуктивности свиней. Аллельные варианты гена H-FABP оказывают значительное влияние на ряд хозяйственно-ценных признаков. Показана ассоциация аллельных вариантов ddHH и DdHH гена H-FABP с такими показателями как толщина «мышечного глазка», шпика и приростом живой массы.

Використання ДНК типування дозволяє прискорити племінну оцінку по м'ясній продуктивності свиней. Алельні варіанти гена H-FABP виявляють значний вплив на ряд господарсько-цінних ознак. Представлена асоціація алельних варіантів ddHH і DdHH гена H-FABP з такими показниками як товщина «мязового волокна», шпигу і приростом живої маси.

Application of DNA-typing intensifies breed assessment for meat productivity of pigs. Allelic variants of the H-FABP gene exhibiting have a great influence on a number of economically variable traits. Association of the allelic variants ddHH and DdHH of the H-FABP gene with such parameters as eye muscle area, thickness of fat and liveweight gain is shown.

КАРПОВ П.А., ЕМЕЦ А.И., БЛЮМ Я.Б.

*Институт клеточной биологии и генетической инженерии,
ул. акад. Заболотного, 148, Киев-143, 03680, Украина, e-mail: karpov.p.a@gmail.com*

АНАЛИЗ КИНОМА *ARABIDOPSIS THALIANA* НА ОСНОВАНИИ ГОМОЛОГИИ КАТАЛИТИЧЕСКОМУ ДОМЕНУ ТИРОЗИНКИНАЗЫ *ZAR70 MUS MUSCULUS*

Обратимое фосфорилирование, катализируемое протеинкиназами и протеинфосфатазами, регулирует многие внутриклеточные процессы. В эукариотической клетке около 30% белков подвергаются фосфорилированию. Процессы фосфорилирования белков животных и человека осуществляются серин/треонин- и тирозинкиназами, имеющими общее эволюционное происхождение (Robinson et al., 2000). В отличие от животных, у растений обнаружено большое количество серин/треонин-киназ и фосфатаз, а также дуальных киназ, однако наличие специфических тирозинкиназ

(ПТК) пока остается под вопросом (Rudrabhatala and Rajasekharan, 2004). В принципе, их существование нельзя полностью отрицать, так как их антагонисты – тирозин-специфичные фосфатазы - уже найдены (Almo et al., 2007). Тирозинфосфатазы описаны у арабидопсиса (20 генов) и других растений, что подтверждает важность процесса обратимого фосфорилирования по тирозину у растений (Fordham-Skelton et al., 1999). Так, например, было показано, что уровень актина, фосфорилированного по тирозину, коррелирует с движением листьев у *Mimosa pudica* L. (Kameyama et al., 2000), а ингибиторы тирозинфосфатаз (MacRobbie, 2002) блокируют фосфорилирование актина (Kameyama et al., 2000). Скрининг протеома *Arabidopsis thaliana* показал, что, по крайней мере, 4% киназ арабидопсиса является тирозин-специфичными (Cargi et al., 2002).

Отличительной чертой всех протеинкиназ является наличие консервативного каталитического киназного домена (250-300 аминокислотных остатков). В свою очередь он также содержит субдоменные мотивы, уникальные на уровне киназных подсемейств (Chunhua et al., 2005). Гомология по этим консервативным мотивам уже позволила идентифицировать гены многих ПТК и создать базы данных киномов кишечнорастворимых, нематод, кольчатых червей, членистоногих, иглокожих, ряда позвоночных и человека (Anamika et al., 2007; <http://kinase.com/>). В настоящее время благодаря реализации ряда проектов сиквенирован и частично расшифрован геном *A. thaliana*. Закончена первичная расшифровка и ведется детальная аннотация генома *Oryza sativa*. Доступность данной информации (проекты Tair и TIGR) также способствует дальнейшему продвижению работы по расшифровке киномов растений. Поэтому в настоящей работе представлены результаты первичного сканирования генома *A. thaliana* из базы данных NCBI с использованием последовательности каталитического домена тирозинкиназы Zap70 из *Mus musculus*.

Материалы и методы

Для анализа генома *A. thaliana* использовали полные хромосомные последовательности, представленные в NCBI: 1) NC_003070.5, 2) NC_003071.3, 3) NC_003074.4, 4) NC_003075.3 и 5) NC_003076.4. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Эталонные последовательности нерецепторных ПТК были взяты из GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>) и Swiss-Prot (<http://www.expasy.org/>). Множественные выравнивания аминокислотных последовательностей выполняли с помощью программы Clustal X (2.0.5) (<http://www.clustal.org>) с применением матриц BLOSSUM (Larkin et al., 2007). Универсальные мотивы связывающих фосфатных участков ПТК составляли в IUPAC коде с применением универсальных подстановочных символов.

Сканирование полного текста хромосом с помощью универсальных мотивов осуществляли с помощью программы DNAMAN (V.5) (<http://lynnon.com/>). Предсказание доменной архитектуры и состава выполняли с помощью сетевого инструмента SMART (<http://smart.embl-heidelberg.de/>) и на основании данных, представленных в Swiss-Prot (<http://www.expasy.org/>). Сканирование генома *A. thaliana* с использованием эталонной аминокислотной последовательности выполнялось в NCBI BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) с применением алгоритма tBLASTn. Идентификация найденных CDS (Coding DNA Sequence) выполнялось путем сравнения их продуктов в SIB BLAST (<http://www.expasy.org/tools/blast/>) с известными белками с последующим сопоставлением координат и направлений CDS с данными, представленными в Swiss-Prot, KEGG (<http://www.genome.jp/>) и Tair (<http://www.arabidopsis.org/>). Принадлежность найденных продуктов устанавливали путем сканирования в SMART и подтверждали на основании данных гомологии сиквенса, по соответствию моделям Маркова (HMM) и особенностям доменного состава и архитектуры.

Результаты и обсуждение

В начале исследования для выбора оптимальной эталонной последовательности было выполнено сканирование полного текста хромосом *A. thaliana* в программе DNAMAN с применением универсальных мотивов фосфат-связывающих участков (ФСУ), составленных для ряда семейств нерецепторных ПТК человека и животных (Табл. 1). В результате были обнаружены консенсусные участки, соответствующие ФСУ киназ семейства Syk/Zap70 и Jak (Табл. 1). В двух случаях (хромосома II: 4823448(+) и хромосома III: 5992532(-)) консенсусы оказались общими для обоих семейств. В результате были выделены три сайта для дальнейшего анализа на соответствие генам протеинкиназ: хромосома II: 4823448(+)(Syk / Zap70 и Jak), хромосома II: 16946596(-) (Syk / Zap70) и хромосома III: 5992532(-)(Syk / Zap70 и Jak). Оказалось, что из трех обнаруженных сайтов (хромосома II: 16946596(-) и хромосома III: 5992532(-)) два расположены в кодирующих областях генов уже известных киназ: O22879 (At2g40560) и Q8RWC9 (AT3G175010.1). Поскольку в обоих случаях наблюдалось соответствие универсальным мотивам кодирующих последовательностей ФСУ семейства Syk/Zap70, последовательности каталитических доменов именно этих киназ были выбраны для дальнейшего сканирования генома *A. thaliana*.

Таблица 1

Результаты сканирования генома *A. thaliana* на наличие кодирующих областей, соответствующих фосфат-связывающим участкам киназных доменов ПТК животных

Семейство ПТК	Универсальный мотив в IUPAC коде	Локализация консенсуса в геноме				
		I	II	III	IV	V
Ab1	YTNNGNGGGNGNCARTAYGGNGANGTN	-	-	-	-	-
Ack	YTNNGNGAYGGNCTCNTTYGGNGTNGTN	-	-	-	-	-
Csk	YTNNGNCARGGNTRYTTYGGNGARGTN	-	-	-	-	-

Fak	HTNGGNHNGGNYHNTTYGGNGANGTN	-	-	-	-	-
Fes	HTNGGNHRNGGNAAYTTYGGNGANGTN	-	-	-	-	-
Jak	YTNGGNRARGGNHAYTTYGGNHHNGTN	-	4823448(+)	5992532(-)	-	-
Src	ATHGGNAARGGNGARTTYGGNGAYGTN	-	-	-	-	-
Tek	HTNGGNHCNGGNYTNTTYGGNYTNGTN	-	-	-	-	-
Syk/Zap70	YTNGGNNNNGGNAAYTTYGGNHNNGTN	-	4823448(+)	5992532(-)	-	-
			16946596(-)			

Поскольку сходство аминокислотных последовательностей киназных доменов на уровне отдельных подсемейств ПТК разных видов является чрезвычайно высоким (Anamika et al., 2007), это нивелирует приоритет при выборе эталонной последовательности на уровне отдельных подсемейств. *A. thaliana* является общепризнанным модельным объектом в биологии растений, поэтому в качестве эталонной последовательности нами была выбрана аминокислотная последовательность киназного домена Zap70 (P430404), принадлежащую другому модельному объекту - *Mus musculus* (Рис.1). При этом границы каталитического домена были определены на основании анализа последовательности в SMART и данных, представленных в Swiss-Prot.

Сканирование генома *A. thaliana* путем использования инструмента tBLASTn (NCBI) с помощью полных нуклеотидных последовательностей хромосом (по шести рамкам считывания - ORF) выявило 503 консенсуса.

>P430404|ZAP70_MOUSE Tyrosine-protein kinase ZAP-70 - *Mus musculus* (Mouse).

```
MPDPAAHLPFFYGSISRAEAEENHKLKLAGMADGLFLLRQCLRSLGGYVLSLV
HDVRFHNFPIERQLNGTYA IAGGKAHC GPAELCQFYSQDDPLPCNLRKPC
NRPPGLEPQPGVFDCLRDAMVCDYVRQTWKL EGDAL E QAIISQAPQVEKLI
ATTATHERMPYHSSLTREEAERKLYSGQQTGDKFLLRPRKEQGTYALSLVY
GKTVYHYLISQDKAGKYCIPEGTKFDTLWQLVEYLKLLKADGLIYRLKEVCP
NSSASAAVAAPTLPANPSTFTQPPRRVDTLNSDGYTPEPARLASSTDKPRP
MPMDTSVYESPYSDPEELKDKKLF LKRENILVADIELGCGNFGSVRQGVYR
MRKKQIDVAIKVLKQGT EKAADKDEMMREAQIMHQLDNPIYVRLIGVCQAEA
LMLVMEMAGGGPLHKFLLGKKEEIPVSNVAELLLHQVAMGMKYLEEKNFVHR
DLAARNVLLVNRHYAKISDFGLSKALGADDSYTTARSAGKWP LK WY APECI
NFRKPSRSSD VWSYGVMTWEAFSYGQKPKYKMKGPQVLDL FKQGRMECP
ECPPEYALMSDCWIYKWBDRPDFLTVQRMRNYYS PASRAEGPPQCEQV
AEAACG
```

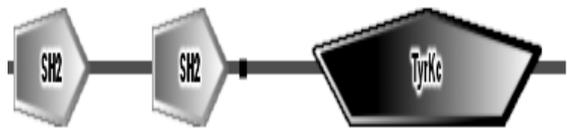


Рис.1. Аминокислотная последовательность и доменная архитектура протеинтирозинкиназы Zap70 (P430404) *M. musculus* (согласно данным SMART) (выделение – область соответствующая киназному домену (ТурКс)).

При этом была получена вся необходимая для дальнейшей идентификации гена и его продукта информация: направление открытой рамки считывания (ORF), координаты консенсуса в хромосоме, последовательность CDS, последовательность кодируемого продукта, процент идентичности, процент сходства, статистическая значимость (E-value), число и процент гэпов (Рис.2).

```
>ref|NC_003075.3| Arabidopsis thaliana Chromosome 4, complete sequence
Length=18585042
Score = 94.0 bits (232), Expect = 4e-19
Identities = 73/223 (32%), Positives = 116/223 (52%), Gaps = 15/223 (6%) Frame = +1
Query 7 LCGNFGSVRQGVYMRKKQIDVAIKVLKQGT EKAADKDEMMREAQIMHQLDNPIYVRLIGVCQAEA-LMLVMEMAGGGPLHKFPL---LGKKEEIPVSNVAELLLHQVAMGMKYLEE---K 118
+G G +G V +GV + VAIK L +A+K E E + + + + +VRL+G C A MLV E G L + + + LG K + + + A G + YL E
Sbjct 1152184 IGQGGYGVYRQVLEDKSM---VAIKNLLNRRGQAEK-EPKVEVEAIGRVRHKNLVRLLGYCVGGAHRMLVVEYVDNNGNLEQWIHGGGLGFKSPLTWEIRMNIVLGTAKGLMYLHEGLEP 1152531
Query 119 NFVHRDLAARNVLLVNRHYAKISDFGLSKALGADDSYTTARSAGKWP LK WY APECI NFRKPSRSSD VWSYGVMTWEAFSYGQKPKYKMKGPQVLDL FKQGRM 221
VHRD+ +N+LL + +K+SDFGL+K LG+ SY T R G + + APE + + RSDV+ +S+G V + E S G + P + + P + + + + KR+
Sbjct 1152532 KVVHRDIKSNILLDKQWNSKVSDFGLAKLLGSEMSYVTRVMGTGTF--GVYAPEYASTGMLNERSD VYSGVGLVMEIIS-GRSPVDYSRAPGEVNLVWELKRL 1152831
```

Рис. 2. Пример фрагмента отчета tBLASTn для одного консенсуса (выделение показывает информацию, важную для последующей идентификации продукта).

Для установления достоверности консенсусов, потенциальные продукты CDS были проверены путем сканирования в SMART. Поскольку в данный пакет интегрированы инструменты Pfam и PROSITE, результаты анализа отображали как сходство сиквенса, так и соответствие моделям Маркова (HMM). Результаты проверки 503-х потенциальных продуктов показали их принадлежность 494-м протеинкиназам и позволили определить локализацию их генов. При этом согласно результатам анализа, только два из 503-х обнаруженных консенсусов не соответствовали генам протеинкиназ. В ряде случаев несколько консенсусов соответствовали CDS разных экзонов одного гена, что и объясняет конечное число предсказанных нами генов протеинкиназ *A. thaliana*.

Обнаруженные гены были распределены между хромосомами следующим образом: 150 - в I-й, 71 - во II-й, 94 - в III-й, 65 - в IV-й и 114 - в V-й хромосомах. Анализ в SMART показал соответствие потенциальных продуктов целому ряду моделей каталитических доменов протеинкиназ: S_TKc, STYKc, TyrKc, Pkinase, Pkinase_Tyr, S_TKc, D1phk, D1pme, D1qpcsa, D1fgka, D1ir3a, D1b6cb, 1a06, 1byg, 1cm8, 1el1v, 1f3m, 1fgi, 1fot, 1fpv, 1fvr, 1g3n, 1gol, 1ia8, 1ian, 1jpa, 1koa, 1pme, 1qcf, 1ql6, 1qpd, 2ptk, 2src, 3lck, d1b6cb киназ. (Рис.3).

Интересным является тот факт, что среди потенциальных продуктов были как те, которые согласно HMM соответствовали моделям каталитического домена нетипичных тирозин-специфичных киназ

(Pkinase_Tyr), так и те, которые соответствовали моделям каталитического домена (TyrKc) типичных ПТК животных и человека.

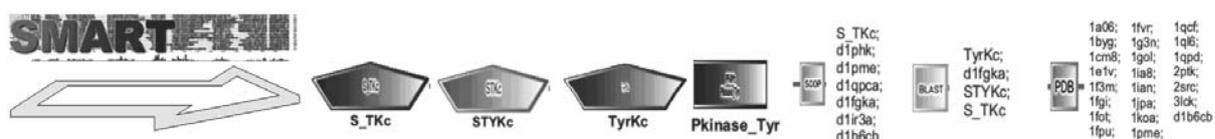


Рис.3. Соответствие продуктов обнаруженных CDS каталитическим доменам различных протеинкиназ (на основании соответствия HMM и гомологии сиквенса).

В настоящее время нами закончен анализ киномов первой и второй хромосом *A. thaliana* и восстановлены полные последовательности соответствующих генов и ряда их продуктов на основании данных Taig, KEGG, Swiss-Prot и др. Уже на данном этапе исследования мы можем утверждать, что многие из представленных в базах данных генов протеинкиназ *A. thaliana* установлены частично или интерпретированы недостаточно точно. Многие представлены как белки с неизвестной функцией или как возможные протеинкиназы с неизвестной функцией и специфичностью к субстрату. В связи с этим возникает много новых вопросов, требующих разрешения. В частности, в качестве примера можно привести результаты анализа консенсуса, обнаруженного в I-й хромосоме (Рис.4).

Score = 42.7 bits (99), Expect = 0.001 Identities = 38/128 (29%), Positives = 61/128 (47%), Gaps = 35/128 (27%) Frame = -2 2053576-2053202

```
Query          QVAMGMKYLEEKN---FVHRDLAARNVLLVNRHYAKISDFGLS-KALGADDSYYTARSAGKWLKWAYE-----CINF-----RKFS 180
              + A G+YL EK+   +HRD+ + NVLL + AKI+DF LS +A   ++ R G+   ++APE   C F   + +
Sbjct 2053576  EAARGLEVYLHEKSQPPV IHRDIRSSNVLLFEDYKAKIADFNL SNQAPDNAARLHSTRVLGTF--GYHAFE*CFLSPYCFVFEV*MSNKQLKC*SALLCRVAMTGQLT 2053222
```

```
Query 181      SRSDVWSYGVMTMWEAFSYGQKP 202
              +SDV+S+GV + E + G+KP
Sbjct 2053222  QKSDVYSFGVVLLELLT-GRKP 2053202
```

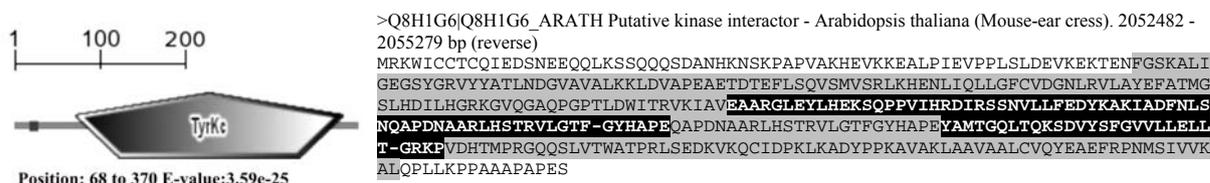


Рис. 4. Нерцепторная киназа, содержащая согласно HMM TyrKc домен.

Согласно данным ExPasy/Swiss-Prot и Taig обнаруженный консенсус соответствует потенциальной протеинкиназе с неизвестной или возможной тирозин-специфичностью. Выполненный же нами анализ показал, что каталитический домен данного белка как по сходству сиквенса, так и по соответствию моделям Маркова с большой вероятностью является гомологичным каталитическому домену тирозинкиназ животных и человека (TyrKc) (Рис.4).

Выводы

В результате сравнительного биоинформационного скрининга генома *Arabidopsis thaliana* с помощью аминокислотной последовательности каталитического домена протеинтирозинкиназы Zap70 *M. musculus* предсказано существование не менее 494-х генов протеинкиназ. На основании гомологии первичных последовательностей и соответствия каталитических доменов моделям Маркова определены сайты локализации этих генов в геноме *A. thaliana* и дана оценка принадлежности их продуктов. Показана возможность существования у *A. thaliana* тирозин-специфичных протеинкиназ, гомологичных по строению каталитического домена протеинтирозинкиназам животных и человека.

ЛИТЕРАТУРА

1. Robinson D.R., Wu Y.M., Lin S.F. The protein tyrosine kinase family of the human genome // Oncogene. - 2000. -vol. 19, № 49. -P.5548-5557.
2. Almo S.C., Bonanno J.B., Sauder J.M., et al. Structural genomics of protein phosphatases // J. Struct. Funct. Genomics. - 2007. - vol.8, № 2-3. -P.121-140.
3. Kameyama K., Kishi Y., Yoshimura M., et al. Tyrosine phosphorylation in plant bending // Nature. - 2000. - vol. 407, № 6800. - P.37.
4. MacRobbie E.A. Evidence for a role for protein tyrosine phosphatase in the control of ion release from the guard cell vacuole in stomatal closure // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. - 2002. - vol. 99, № 18. - P.11963-11968.
5. Rudrabhatla P., Rajasekharan R. Functional characterization of peanut serine/threonine/tyrosine protein kinase: molecular docking and inhibition kinetics with tyrosine kinase inhibitors // Biochemistry. - 2004. -

6. vol.43. - P.12123-12132.
7. Yan C., Li Z., Neelam B., et. al. Isolated human kinase proteins, nucleic acid molecules encoding human kinase. - 2005. US Patent.
8. Larkin M.A., Blackshields G., Brown N.P., et. al. Clustal W and Clustal X version 2.0 // Bioinformatics. - 2007. - vol. 23, - P.2947-2948.
9. Fordham-Skelton A.P., Skipsey M., Eveans I.M., et. al. Higher plant tyrosine-specific protein phosphatases (PTPs) contain novel amino-terminal domains: expression during embryogenesis // Plant. Mol. Biol. - 1999. - vol.39, № 3. -P.593-605.
10. Carpi A., Di Maira G., Vedovato M., et. al. Comparative proteome bioinformatics: identification of a whole complement of putative protein tyrosine kinases in the model flowering plant *Arabidopsis thaliana* // Proteomics. - 2002. - vol. 2, № 11. - P.1494-503.
11. Anamika K., Bhattacharya A., Srinivasan N. Analysis of the protein kinome of *Entamoeba histolytica* // Proteins. - 2007. - vol. 71, № 2. - P.995-1006.

Резюме

На основании гомологии с каталитического домена тирозинкиназы Zap70 *Mus musculus* предсказано существование 494-х генов протеинкиназ у *Arabidopsis thaliana*. Показана возможность существования у арабидопсиса тирозин-специфичных киназ, гомологичных по строению каталитического домена протеинтирозинкиназам животных и человека.

На підставі гомології із каталітичного домену тирозинкінази Zap70 *Mus musculus* передбачено існування 494-х генів протеїнкіназ *Arabidopsis thaliana*. Показана можливість існування у арабідопсису тирозин-специфічних киназ, гомологічних по будові каталітичного домену протеїнтирозинкіназам тварин і людини.

On the basis of homology to *Mus musculus* Zap70 tyrosine kinase catalytic domain, the existence of 494 protein kinases genes in *Arabidopsis thaliana* is predicted. Shown the possibility of existence of tyrosine-specific protein kinases in *A. thaliana*, which structure of catalytic domain are homologous to animal and human protein tyrosine kinases.

Н.А. КОЗУБ^{1,2}, И.А. СОЗИНОВ¹, А.А. СОЗИНОВ^{1,2}

¹ Институт защиты растений УААН,

Украина, 03022, Киев, ул. Васильковская, 33, e-mail: sia1@i.com.ua

² Институт клеточной биологии и генетической инженерии НАН Украины,

Украина, 03143, Киев, ул. Заболотного, 148

ОСОБЕННОСТИ ПЕРЕДАЧИ РЖАНЫХ ТРАНСЛОКАЦИЙ 1AL/1RS И 1BL/1RS ЧЕРЕЗ ГАМЕТЫ У ГИБРИДОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Среди чужеродных транслокаций у коммерческих сортов мягкой пшеницы наиболее распространенной является ржаная 1BL/1RS транслокация (транслокация короткого плеча хромосомы 1R ржи на длинное плечо хромосомы 1B пшеницы), на втором месте — ржаная 1AL/1RS транслокация [1]. Источником 1BL/1RS транслокации у подавляющего большинства современных сортов мягкой пшеницы является линия Riebesel 47-51, созданная Г. Рибезелем (Riebesel), с транслокацией от ржи Petkus (2x) [1]. 1AL/1RS транслокация у большинства сортов происходит от сорта Amigo, созданного в США в 1976 году [1]. Фрагмент ржаной хромосомы 1R у Amigo получен от аргентинского сорта ржи (*Secale cereale* L.) Insave [2] через сорт октоплоидного тритикале Gaucho (сорт мягкой пшеницы Chinese Spring, Китай / рожь Insave). Эти две транслокации значительно отличаются по проявлению в геноме пшеницы. 1BL/1RS транслокация от ржи Petkus, несет гены устойчивости к мучнистой росе *Pm8*, к стеблевой ржавчине *Sr31*, к бурой ржавчине *Lr26* и к желтой ржавчине *Yr9* [3]. 1AL/1RS транслокация от ржи Insave (сорт Amigo) несет ген устойчивости к биотипам тли *Schizaphis graminum* B и C *Gb2* [3], клещу *Aceria tosicheilla* (Keifer) *Cm3* [3, 4], ген устойчивости к мучнистой росе *Pm17* [3]. Эти транслокации отличаются также по влиянию на продуктивность и хлебопекарное качество. Так, наличие 1BL/1RS