



## Идентификация видов вики рода *Vicia* L. по составу основных полипептидов 11S глобулина семян на примере *V. narbonensis* complex и *V. pannonica* Crantz

Э. Э. Егги<sup>1</sup>, Т. Г. Александрова<sup>1</sup>, Ал. В. Конарев<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений (ВИЗР), Санкт-Петербург, Россия

**Автор, ответственный за переписку:** Александр Васильевич Конарев, alv-konarev@yandex.ru

Для сохранения чистоты, контроля идентичности, при репродуцировании поступающих в коллекцию семян разных таксономических групп растений требуется разработка простых и быстрых скрининговых методов, позволяющих осуществлять предварительную идентификацию и регистрацию материала. Наиболее подходящим для этих целей является метод SDS-электрофореза запасных белков семян. Однако его варианты, известные из литературы, преимущественно включают анализ полного белкового спектра, который, как правило, весьма гетерогенен, что осложняет интерпретацию результатов. Наша задача – найти в этом многокомпонентном спектре четко идентифицируемую и специфичную для конкретного вида группу полипептидов конкретного белка. Объектом исследования послужили белки семян 47 образцов пяти видов *Vicia* L. subgenus *Vicia*, которые были проанализированы методом SDS-электрофореза в 12,5% ПААГ.

Сопоставлением спектров белков суммарного экстракта семян, разделенных электрофорезом в присутствии 2-меркаптоэтанола и без него, была идентифицирована группа основных полипептидов 11S глобулина – легумина, по которой можно визуально однозначно определять видовую принадлежность семян вики, причем как у самоопыляющихся, так и у перекрестноопыляемых видов. Обнаружено, что в пределах вида образцы различались только по интенсивности отдельных компонентов, но не по компонентному составу, что указывает на видоспецифичность спектра основных полипептидов 11S глобулина. Четкие различия по составу основных полипептидов наблюдались между близкородственными и трудноразличимыми в полевых условиях видами *V. narbonensis* complex. Видовая специфичность спектров данной группы полипептидов коррелирует с репродуктивной изоляцией видов. В свою очередь, культурные и сорнополевые образцы вики паннонской (*V. pannonica* Crantz) различного географического происхождения из коллекции ВИР с вероятно преимущественно перекрестным опылением проявили сходство по спектрам основных полипептидов легумина. Спектры основных полипептидов 11S глобулина видов *V. hyaeniscyamus* Mout., *V. narbonensis* L., *V. serratifolia* Jacq., *V. johannis* Tamamschjan in Karyagin, и *V. pannonica* Crantz были зарегистрированы по «соевой шкале» в виде «полипептидной формулы». Таким образом, предложенный метод, включающий идентификацию основных полипептидов 11S глобулина в многокомпонентном спектре белков семян, может быть рекомендован для быстрого скрининга семенных коллекций как самоопыляющихся, так и перекрестноопыляемых видов рода *Vicia*. Данный простой метод также имеет перспективу использования для определения видовой принадлежности образцов других двудольных культур.

**Ключевые слова:** вика, *Vicia*, полипептидные спектры, 11S глобулин, легумин, основные полипептиды, видовая специфичность, идентификация видов, регистрация образцов

**Благодарности:** работа выполнена при финансовой поддержке в рамках государственного задания согласно тематическим планам ВИР по проекту №FGEM-2022-0002 «Выявление возможностей генофонда бобовых культур для оптимизации их селекции и диверсификации использования в различных отраслях народного хозяйства». Часть работы выполнена в рамках проекта «Национальная сетевая коллекция генетических ресурсов растений для эффективного научно-технологического развития РФ в сфере генетических технологий» (Соглашение № 075-15-2021-1050 от 28.09.2021)

**Для цитирования:** Егги Э.Э., Александрова Т.Г., Конарев Ал.В. Идентификация видов вики (*Vicia* L.) по составу основных полипептидов 11S глобулина семян на примере *V. narbonensis* complex и *V. pannonica* Crantz. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(1):33-45. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-1-01

Прозрачность финансовой деятельности: Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

## Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-1-01

# Identification of vetch species of the genus *Vicia* L. by the composition of the 11S globulin basic polypeptides of seeds using *V. narbonensis* complex and *V. pannonica* Crantz as an example

Elly E. Eggi<sup>1</sup>, Tatiana G. Aleksandrova<sup>1</sup>, Alexander V. Konarev<sup>1,2</sup><sup>1</sup>N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia<sup>2</sup>All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Alexander V. Konarev, alv-konarev@yandex.ru

**Background.** The maintenance of purity, control of identity, and reproduction of seeds of different taxonomic groups of plants entering the collection requires simple and rapid screening methods that allow preliminary identification and registration of the material. The most suitable method for these purposes is SDS-electrophoresis of seed storage proteins, but its variants known from the literature mainly include analysis of the total protein pattern, which is usually very heterogeneous and thus complicates the interpretation of the obtained results. The **objective** of the work was to find a clearly identifiable and species-specific group of polypeptides of a particular protein in this multicomponent pattern. **Materials and methods.** The objects of the study were seed proteins of 47 accessions of five species of *Vicia* L. subgenus *Vicia*, analyzed by SDS-electrophoresis in 12.5% PAAG. **Results and discussion.** A comparison of patterns of the total extracted seed proteins separated by electrophoresis in the presence and absence of 2-mercaptoethanol identified a group of the 11S globulin (legumin) basic polypeptides, which allows visual unambiguous determination of a species (both self- and cross-pollinated) to which vetch seeds belong. It was found that the accessions differed only in the intensity of individual bands within the species, but not in the band composition, indicating the species-specific pattern of the 11S globulin basic polypeptides. Clear differences in the basic polypeptides composition were observed between the closely related species of the *V. narbonensis* complex, which are difficult to distinguish in the field. The species specificity of the patterns in this group of polypeptides correlates with the reproductive isolation of the species. In turn, cultivated and weedy accessions of Pannonian vetch, *V. pannonica* Crantz, of different geographical origins from the VIR collection with a likely predominance of cross-pollination showed homogeneity in the patterns of the legumin basic polypeptides. The patterns of the 11S globulin basic polypeptides of *V. hyaeniscyamus* Mout., *V. narbonensis* L., *V. serratifolia* Jacq., *V. johannis* Tamamschjan in Karyagin, and *V. pannonica* were recorded using the “soybean scale” in the form of a “polypeptide formula”. **Conclusion.** Therefore, the proposed method, including the identification of the 11S globulin basic polypeptides in the multicomponent pattern of seed proteins, can be recommended for rapid screening of seed collections of both self-pollinated and cross-pollinated species of the genus *Vicia*. This simple method is also promising for identifying species of other dicotyledonous crops.

**Keywords:** vetch, *Vicia*, polypeptide profiles, 11S globulin, legumin, basic polypeptides, species specificity, species identification, registration of seed accessions

**Acknowledgements:** The work was financially supported within the framework of the State Assignment in accordance with the thematic plans of VIR project No. FGEM-2022-0002 “Identifying possibilities in the genetic diversity of leguminous crops to optimize their breeding and diversify uses in various sectors of the national economy”. Part of the work was carried out within the framework of the project “National network collection of plant genetic resources for effective scientific and technological development of the Russian Federation in the field of genetic technologies”, Agreement No. 075-15-2021-1050 dated September 28, 2021.

**For citation:** Eggi E.E., Aleksandrova T.G., Konarev A.V. Identification of vetch species of the genus *Vicia* L. by the composition of the 11S globulin basic polypeptides of seeds using the example of the *V. narbonensis* complex and *V. pannonica* Crantz. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(1):33–45. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-1-01

Financial transparency: The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal’s opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Eggi E.E., Aleksandrova T.G., Konarev A.V., 2025

## Введение

Виды рода *Vicia* L. имеют важное значение как источник полноценного белка для человека. Они также применяются как корм для животных, сидераты, элементы систем севооборота, улучшители почвы и восстановители загрязненных экосистем, как медоносы и источники биологически-активных соединений для фармакологии (Ibañez et al., 2020; Salehi et al., 2021; Dhull et al., 2022). По состоянию на 01.11.2024, коллекция ВИР содержала 5920 образцов 58 видов вики. Коллекция постоянно пополняется, а ее воспроизведение для поддержания всхожести и размножения требует контроля чистоты семенного материала. Для быстрой видовой идентификации и регистрации новых образцов или проверки подлинности семян после репродуцирования необходим простой и доступный метод. Методы, основанные на специфичности ДНК, применяются для анализа разнообразия генофонда рода *Vicia* (Han et al., 2021; Bosmali et al., 2022; El-Badan et al., 2022), однако они больше пригодны для различения видов (и то не всегда) или решения проблем филогении и, в силу относительной сложности и трудоемкости, а также отсутствия единого подхода, пока не годятся на роль простого и универсального метода скрининга семенного материала вики. То же справедливо и в отношении кариологических методов (Gianfranco et al., 2008). Одним из наиболее подходящих для этих целей является метод SDS-электрофореза запасных белков семян, который широко используется в решении вопросов филогении, систематики, идентификации сортов, контроля партий семян, а также в процессе анализа генетического разнообразия образцов коллекций бобовых и других растений (Konarev V.G., 2000). Данный подход был успешно использован исследователями из ВИР и многих отечественных и зарубежных лабораторий для решения ряда важных проблем систематики, селекции и семеноводства вики и других бобовых культур (Tarlakovskaya et al., 1990; Eggi, 2013; 2015; Tripathy, 2018; Eggi et al., 2019; Eggi, Aleksandrova, 2019; Ali, Osman, 2020; Mazin, Eggi, 2021; Hasan, Haddad, 2023; Khalid et al., 2023; Konarev et al., 2024). Для рода *Vicia* фундаментом таких работ явилось исследование девяти видов, эндемичных для Восточной Азии (Potokina et al., 2003). Полученные филогенетические выводы соответствовали данным анализа морфологических признаков и полиморфизма ДНК, а электрофоретический спектр белков семян был рекомендован для выяснения филогенетических связей между видами и внутри видов среди восточноазиатских эндемичных таксонов рода *Vicia*. Подобные исследования впоследствии были проведены для таксонов вики разного ранга из Сирии (Miralí, 2005), Египта (Khalik, Al-Gohary, 2013), Алжира (Bechkri et al., 2017), а также из других стран Африки и Азии (El-Badan et al., 2021). В этих работах проводился подсчет и анализ всех компонентов белкового спектра из общего водосолерастворимого экстракта семян. Данный экстракт, помимо запасных белков, поли-

пептидный состав которых в зрелых семенах генетически детерминирован и не зависит от условий, в которых формировались семена, содержит другие белки, например ферменты, подверженные такому влиянию. Следует отметить, что упомянутые выше варианты электрофореза, как правило, включают довольно трудоемкий анализ полного белкового спектра, который может быть весьма гетерогенным, что осложняет интерпретацию результатов. Очевидно, что требуется упрощение такого анализа. Известно также, что видовую или сортовую идентификацию по белкам семян намного проще осуществлять на самоопыляющихся видах растений, у которых спектр белков относительно мало изменчив в пределах вида или сорта, в отличие от перекрестноопыляемых растений, у которых семена одного образца могут существенно отличаться между собой по спектрам белков (Cooke, 1995; Konarev A.I., 2000; Miralí, 2005). Использование упомянутого выше подхода для идентификации перекрестноопыляемых форм сопряжено с анализом большого числа семян для определения частоты встречаемости отдельных типов спектра. Электрофоретический анализ всего комплекса запасных белков, в свою очередь, позволяет легко установить тип опыления конкретного образца (Miralí, 2005; Tripathy, 2018).

Запасные белки семян бобовых на 70% состоят из легуминов и вицилинов, причем на легумины приходится большая их часть (Shevkani et al., 2019; Zha et al., 2021).

Легумины и легумин-подобные белки бобовых и других двудольных (11S или, по данным ряда авторов, 12S глобулины) представлены гексамерными молекулами с массой  $M_r$  от 300 кДа до 400 кДа, где каждая субъединица-мономер содержит кислый ( $\alpha$ , около 40 кДа) и основной ( $\beta$ , около 20 кДа) полипептиды, которые связаны между собой дисульфидным мостиком (Shewry et al., 1995; Zha et al., 2021). Названия “основные” и “кислые” полипептиды получили по их заряду в глобуле. Данные полипептиды образуются после точечного протеолиза исходного пептида (Shewry et al., 1995; Zha et al., 2021). У *Vicia faba* L., наиболее изученного в отношении генетики легуминов представителя рода *Vicia*, данные белки имеют мультигенный контроль, причем при созревании семени отдельные гены экспрессируются во времени независимо друг от друга (Heim et al., 1989; Warsame et al., 2022). Для нескольких наиболее активно экспрессируемых в семенах и охарактеризованных генов характерна микрогетерогенность нуклеотидных последовательностей, которая обуславливает синтез нескольких десятков пептидов (Heim et al., 1989; Horstmann et al., 1993). Интересно, что у разных генотипов *V. faba* при SDS-электрофорезе внутривидовой полиморфизм проявляется лишь у кислых ( $\alpha$ ) полипептидов легумина, в отличие от основных ( $\beta$ ), причем для кислых полипептидов показан простой менделевский характер наследования (Tucci, et al., 1991). Одним из итогов этих исследований явилось понимание того, что гетерогенность пептидов легумина напрямую отражает гетерогенность контролирующих их генов,

что является важным аргументом в пользу обоснованности использования электрофоретических компонентов данного полиморфного белка в качестве генетических маркеров. В свою очередь, молекула вицилина (7S глобулина) является тримером с молекулярной массой 150-190 кДа. Вицилины и легумины эволюционно родственны, однако гены последних содержат не менее четырех больших инсерций, вставок дополнительных последовательностей ДНК, благодаря которым, легумины имеют большую молекулярную массу. Кроме того, вицилины не содержат дисульфидных связей, протеолиз исходных пептидов с  $M_r$  47-50 кДа может происходить в разных местах, а их посттрансляционные модификации включают также гликозилирование, что приводит к большому разбросу по размеру конечных пептидов от 12 кДа до 33 кДа (Shewry et al., 1995; Shutov et al., 1995) и может являться одной из причин высокой гетерогенности их электрофоретического спектра.

Цель нашего исследования – найти четко идентифицируемую группу полипептидов конкретного белка в многокомпонентном спектре суммарного белкового экстракта семян, пригодную для простой и быстрой идентификации и регистрации коллекционных образцов видов вики. Это

особенно актуально для лабораторного контроля чистоты сохраняемых многовидовых коллекций семян, используемых в генетических и селекционных программах. По нашим предварительным наблюдениям, перспективной в данном отношении может быть группа основных полипептидов 11S глобулина, легко идентифицируемых в электрофоретическом спектре. Основанием для такого предположения явились полученные ранее результаты анализа частоты встречаемости основных полипептидов 11S глобулина, которые позволили выявить статистически значимые различия между сортами перекрестноопыляемой бобовой культуры козлятника восточного *Galega orientalis* Lam. (Eggi, 2015).

## Материалы и методы

Объектами исследования являлись 47 образцов пяти видов вики, четыре из которых принадлежат к близкородственным видам секции *Narbonensis* (B. Fedtsch. ex Radzhi) Maxted, к комплексу, называемому *V. narbonensis* complex, и один вид – к секции *Hypechusa* (Alef.) Asch. & Graebner (таблица 1).

**Таблица 1. Виды рода *Vicia* L. подрода *Vicia*\* из коллекции ВИР, проанализированные методом SDS-электрофореза**

**Table 1. Species of the genus *Vicia* L. subgenus *Vicia*\* from the VIR collection analyzed by SDS-electrophoresis**

| Секция/ Section                                   | Вид/ Species                               | Внутривидовой таксон/ Intraspecific taxon                                                                                                                                                                            | Число образцов/ Number of accessions | Происхождение/ Origin                                                                                        |
|---------------------------------------------------|--------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <i>Hypechusa</i> (Alef.) Asch. & Graebner         | <i>Vicia pannonica</i> Crantz              | subsp. <i>pannonica</i>                                                                                                                                                                                              | 18                                   | Австрия, Азербайджан, Армении, Башкирия, Венгрия, Германия, Грузия, Польша, Украина, Чехословакия, Югославия |
| <i>Narbonensis</i> (B. Fedtsch. ex Radzhi) Maxted | <i>V. johannis</i> Tamamschjan in Karyagin | var. <i>procumbens</i> H. Schäfer<br>var. <i>johannis</i>                                                                                                                                                            | 8                                    | Германия, Сирия, Туркменистан, Турция                                                                        |
|                                                   | <i>V. serratifolia</i> Jacq.               | —                                                                                                                                                                                                                    | 1                                    | Италия                                                                                                       |
|                                                   | <i>V. narbonensis</i> L.                   | var. <i>salmonea</i> (Mout.) H. Schäfer<br>var. <i>jordanica</i> H. Schäfer<br>var. <i>affinis</i> Kornhuber ex Asch. & Schweinf.<br>var. <i>aegyptica</i> Kornhuber ex Asch. & Schweinf.<br>var. <i>narbonensis</i> | 17                                   | Греция, Италия, Израиль, Иордания, Ливан, Мальта, Марокко, Палестина, Португалия, Сирия, Турция              |
|                                                   | <i>V. hyaeniscyamus</i> Mout.              | —                                                                                                                                                                                                                    | 3                                    | Сирия                                                                                                        |

\*Таксоны разного ранга приведены по Maxted, 1993/ \*Taxa of different ranks are given according to Maxted, 1993 (Maxted, 1993)

Белки экстрагировали настаиванием 5 мг муки семян в 140 мкл 0,025 М трис-глицинового электродного буфера, pH 8,3 в течение 40 минут при комнатной температуре. Электрофорез проводили в 12,5% полиакриламидном геле (ПААГ) в диссоциирующей системе с 0,001% додецилсульфатом натрия (SDS-электрофорез) по Лэммли (Laemmli, 1970; Konarev et al., 2024). К экстракту добавляли равный объем буфера нанесения с 2% 2-меркаптоэтанолом или без него. Фракционирование белков осуществляли в приборе для вертикального электрофореза (Хийу Калур, Эстония). Анализ проводили на единичных семенах оригинальных образцов и их репродукций (5-20 семян) по стандартной методике, принятой в ВИР для регистрации образцов двудольных культур и утвержденной Международной ассоциацией тестирования семян ISTA (International Seed Testing Association; Cooke, 1992) для анализа образцов гороха (Tarlakovskaya et al. 1990; Konarev A.I., 2000). Гели окрашивали красителем Coomassie R-250. Поскольку электрофоретический спектр белков семян культурной сои *Glycine max* (L.) Merr. идентичен у представителей вида (Eggi, 2013), для контроля может быть использован любой образец данной культуры. В наших работах спектр белков сои сорта 'Комсомолец' к-5950 коллекции ВИР служит стандартом для нумерации и регистрации полипептидных спектров семян разных культур (Eggi, 2013; 2015).

## Результаты и обсуждение

Для решения поставленной задачи были выбраны виды, отличающиеся по положению в системе рода *Vicia*, уровню близости и степени окультуривания, а именно видовой комплекс *V. narbonensis* и культивируемый вид *V. pannonica* Crantz (вика паннонская). Однолетние виды *V. narbonensis* complex считаются перспективными ценными кормовыми культурами (Bouabid et al., 2019). Вика нарбонская (*V. narbonensis* L.) с древности культивируется на Ближнем Востоке в Средиземноморье, произрастая там же в диком виде (Enneking, Maxted, 1995). Виды данного комплекса преимущественно самоопыляющиеся, но у отдельных форм в различной степени наблюдается и факультативное перекрестное опыление (до 5-10%) (Enneking, Maxted, 1995; Potokina, Aleksandrova, 1996; Bouabid et al., 2019). Виды комплекса трудно различимы в полевых условиях (Bennett, Maxted, 1997), что явилось одним из оснований для выбора их в качестве объекта для нашего исследования. Разновидности в пределах данных видов легко скрещиваются, но межвидовые скрещивания не дают жизнеспособных семян (Enneking, Maxted, 1995).

Вика паннонская – важная кормовая культура на Ближнем Востоке и в Европе, включая Россию (Firincioglu et al., 2011; Aleksandrova, 2018), представленная множеством генотипов и сортов (Ilieva, Naidenova, 2016). Кроме того, широко распространены и дикие формы вида, многие из которых являются вторично одичав-

шими (Firincioglu et al., 2011). Наиболее распространено мнение, что *V. pannonica* опыляется пчелами (McGregor, 1976; Interactive Agricultural Ecological Atlas of Russia and Neighboring Countries, 2024), но по другим данным у этого вида может встречаться и самоопыление (Breeding systems table, 2024). Среди основных видов зерновых бобовых культур и их диких родичей *V. pannonica*, наряду с *V. faba*, относится по системе опыления к факультативным самоопылителям с высокой степенью аутбридинга (Vishnyakova et al., 2018).

На рисунке 1 показаны полипептидные спектры суммарных белков семян образцов исследованных видов вика из коллекции ВИР. Внизу рисунка приведены фотографии семян, для которых получены спектры, и номера образцов по каталогу коллекции ВИР. Для контроля опыта использована соя.

Как видно из рисунка 1, полипептидные спектры различаются по положению и интенсивности множества компонентов, однако использование таких сложных спектров при массовом скрининге коллекционного материала для видовой идентификации и регистрации образцов требует значительных затрат времени и усилий. В случае составления «белковой формулы» видов по «соевой шкале» пришлось бы учитывать много компонентов, не всегда легко идентифицируемых в сложном спектре.

Мы поставили задачу выделить в суммарных полипептидных спектрах семян зону четко выявляемых компонентов, принадлежащих одной белковой системе и однозначно позволяющих идентифицировать виды рода *Vicia*. По нашим предварительным данным, кандидатами на роль такой системы являются полипептиды легумина, 11S глобулина, возможность использования которых для указанных выше целей мы и решили проверить. Особенностью данного типа глобулинов двудольных является наличие дисульфидных связей между пептидами  $\alpha$  и  $\beta$ , формирующими мономеры, которые, в свою очередь, в нативных условиях за счет нековалентных связей объединяются в гексамер (Shewry et al., 1995; Zha et al., 2021).

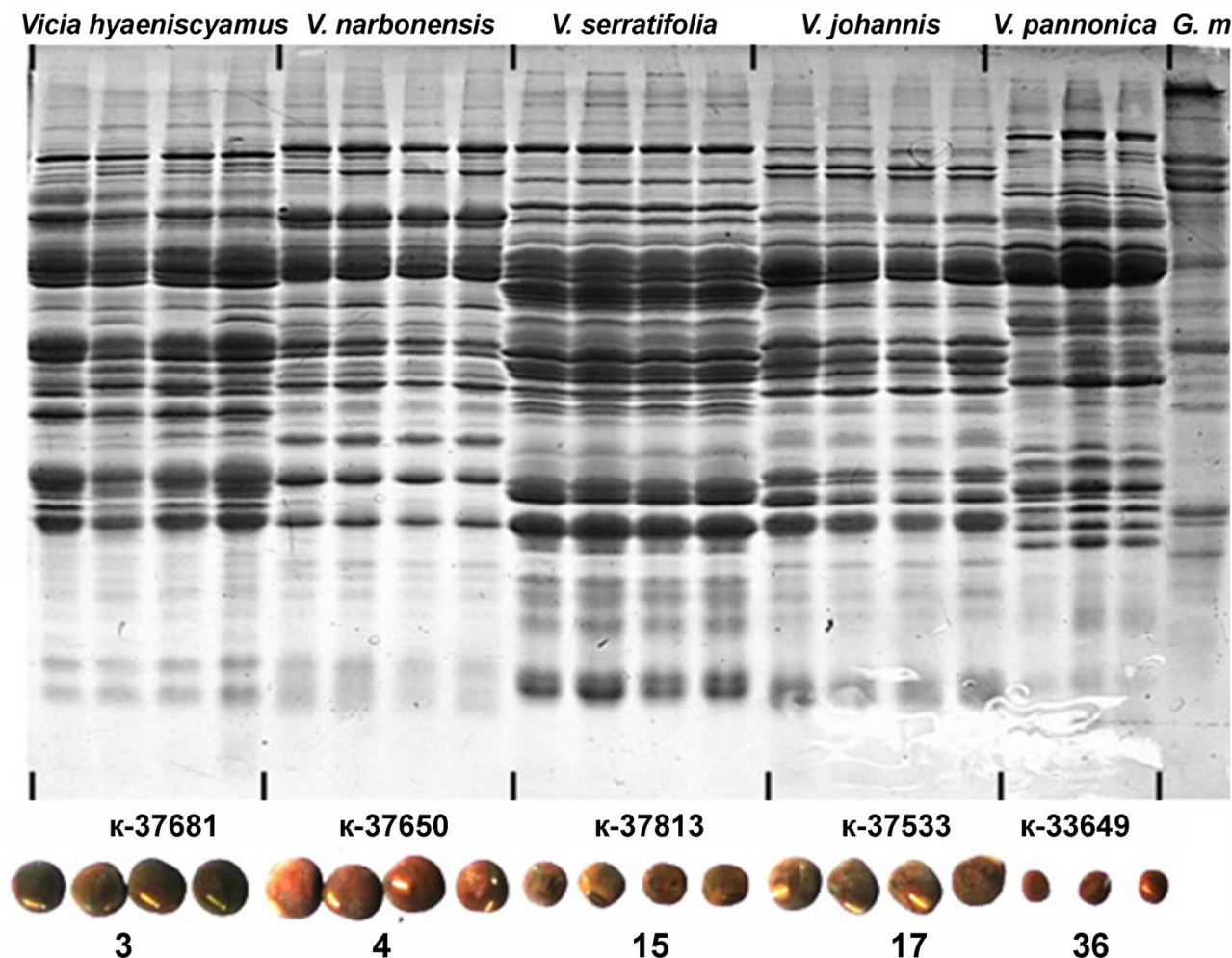
В присутствии SDS исходные гексамеры легумина массой от 300 кДа до 400 кДа диссоциируют до мономеров массой около 60 кДа, которые, в свою очередь, под действием 2-меркаптоэтанолла распадаются на пептиды  $\alpha$  и  $\beta$  (Shevkani et al., 2019).

Находясь в комплексе с SDS, в процессе электрофореза в ПААГ полипептиды распределяются по молекулярной массе (Laemmli, 1970). Мелкие молекулы движутся быстрее и занимают нижнюю часть белкового спектра, крупные – медленнее и находятся в верхней его части.

На рисунке 2 показаны примеры идентификации зоны основных полипептидов у образцов разных видов вика путем сопоставления спектров, полученных без обработки белковых экстрактов из семян 2-меркаптоэтанолом и с обработкой данным реагентом. В спектре без 2-меркаптоэтанолла 11S глобулин представлен глобулами-номерами размером около 60 кДа. В присутствии 2-меркаптоэтанолла глобула распадается на основные (около

20 кДа) и кислые (около 40 кДа) полипептиды. Место положения глобулы в этом спектре остается свободным. Основные полипептиды легумина оказываются в зоне

почти свободной от компонентов других белков и легко могут быть идентифицированы.



**Рис. 1. Электрофоретические спектры белков, экстрагированных из семян видов рода *Vicia* L. и фото семян, из которых выделены белки**

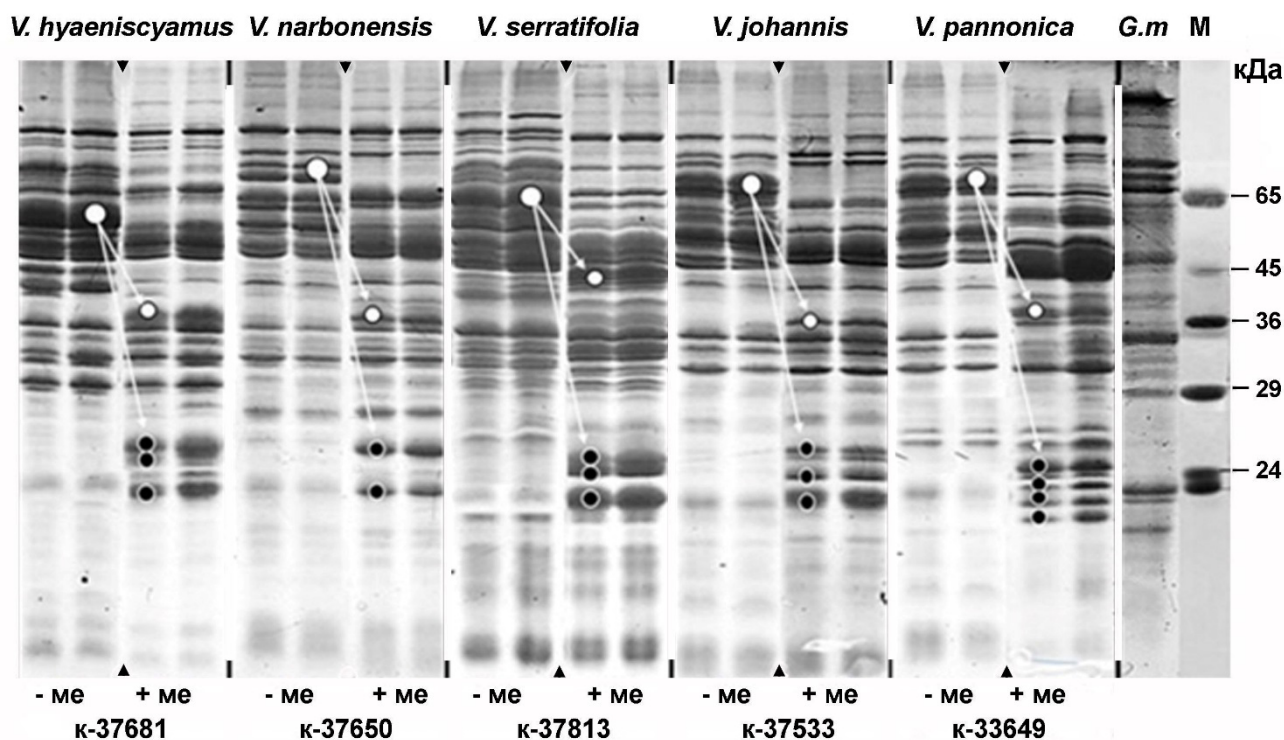
Образцы обозначены номерами по каталогу ВИР. Цифры и числа 3, 4, 15, 17 и 36 – краткие условные обозначения образцов. В качестве контроля использованы белки семян сои *Glycine max* (L.) Merr., к-5950, сорт 'Комсомолка'

**Fig. 1. Electrophoretic patterns of proteins extracted from seeds of species of the genus *Vicia* L. and photos of the source seeds**

Accession designation according to the VIR catalogue. The numbers 3, 4, 15, 17 and 36 are short conventional designations of the accessions. Seed proteins from soybean cv. 'Komsomolka' (*Glycine max* (L.) Merr., k-5950) were used as a control

На рисунке 3 представлены фрагменты спектров основных полипептидов легумина видов вики. Зона, включающая компоненты с молекулярной массой около 20 кДа, вырезана из полных полипептидных спектров (см. рис. 1 и рис. 2). Также представлены спектры полипептидов произвольно выбранных образцов – представителей трех видов:  $X_1$ ,  $X_2$ ,  $X_3$ . Визуально не трудно определить, что  $X_1$  соответствует образцу 17 (*V. johannis* var. *procumbens* H. Schäfer),  $X_2$  – образцу 4 (*V. narbonensis*

var. *narbonensis*),  $X_3$  – образцу 3 (*V. hyaeniscyamus* Mout.). Очевидно, что рисунок компонентов каждого из представленных образцов индивидуален и легко может быть идентифицирован. Таким образом, электрофоретические спектры основных полипептидов легумина являются специфичными для отдельных видов вики. Что касается кислых полипептидов легумина, то при данных условиях электрофореза они оказываются в гетерогенной зоне совместно с полипептидами иной природы (см. рис. 2).

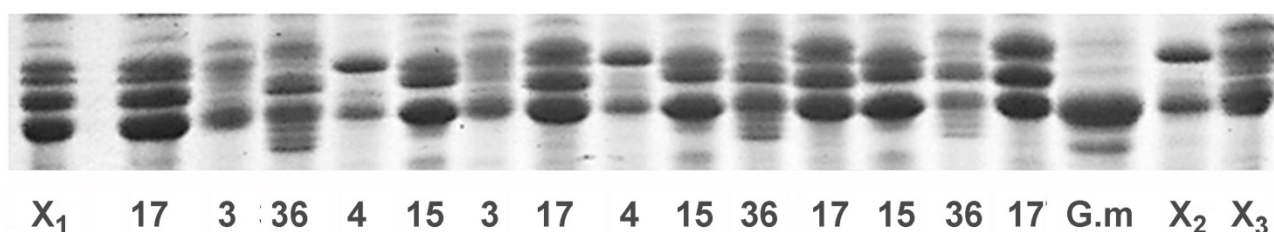


**Рис. 2. Идентификация основных полипептидов видов рода *Vicia* L. путем сопоставления электрофоретических спектров белков семян, обработанных перед нанесением на гель 2-меркаптоэтанолом (+ме) и не обработанных (-ме)**

Обозначения: большие белые кружки – глобулы 11S глобулина (исходные мономеры); малые белые кружки – кислые полипептиды 11S глобулина; черные кружки – основные полипептиды 11S глобулина. М – маркеры молекулярных масс: 65 кДа – бычий сывороточный альбумин, 45 кДа – яичный альбумин, 36 кДа – глицеральдегид-3-фосфатдегидрогеназа, 29 кДа – карбоангидраза, 24 кДа – трипсиноген

**Fig. 2. Identification of the basic polypeptides of *Vicia* L. species by comparing the electrophoretic patterns of seed proteins treated with 2-mercaptoethanol (+me) and untreated (-me) before gel application**

Designations: large white circles – 11S globulin globules (initial monomers); small white circles – 11S globulin acidic polypeptides; black circles – 11S globulin basic polypeptides. M – molecular mass markers: 65 kDa – bovine serum albumin, 45 kDa – egg albumin, 36 kDa – glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, 29 kDa – carbonic anhydrase, 24 kDa – trypsinogen



**Рис. 3. Фрагменты электрофоретических спектров (зона основных полипептидов) легумина семян пяти видов рода *Vicia* L.**

Цифрами и числами обозначены спектры видов: 3 – *V. hyaeniscyamus* Mout. (к-37681), 4 – *V. narbonensis* var. *narbonensis* (к-37650), 15 – *V. serratifolia* Jacq. (к-37813), 17 – *V. johannis* var. *procumbens* H. Schäfer (к-37533), 36 – *V. pannonica* Crantz (к-33649). Спектры видов представлены в нескольких повторях в случайном порядке. X1, X2 и X3 – произвольно выбранные другие образцы семян трех из перечисленных видов (пояснение в тексте)

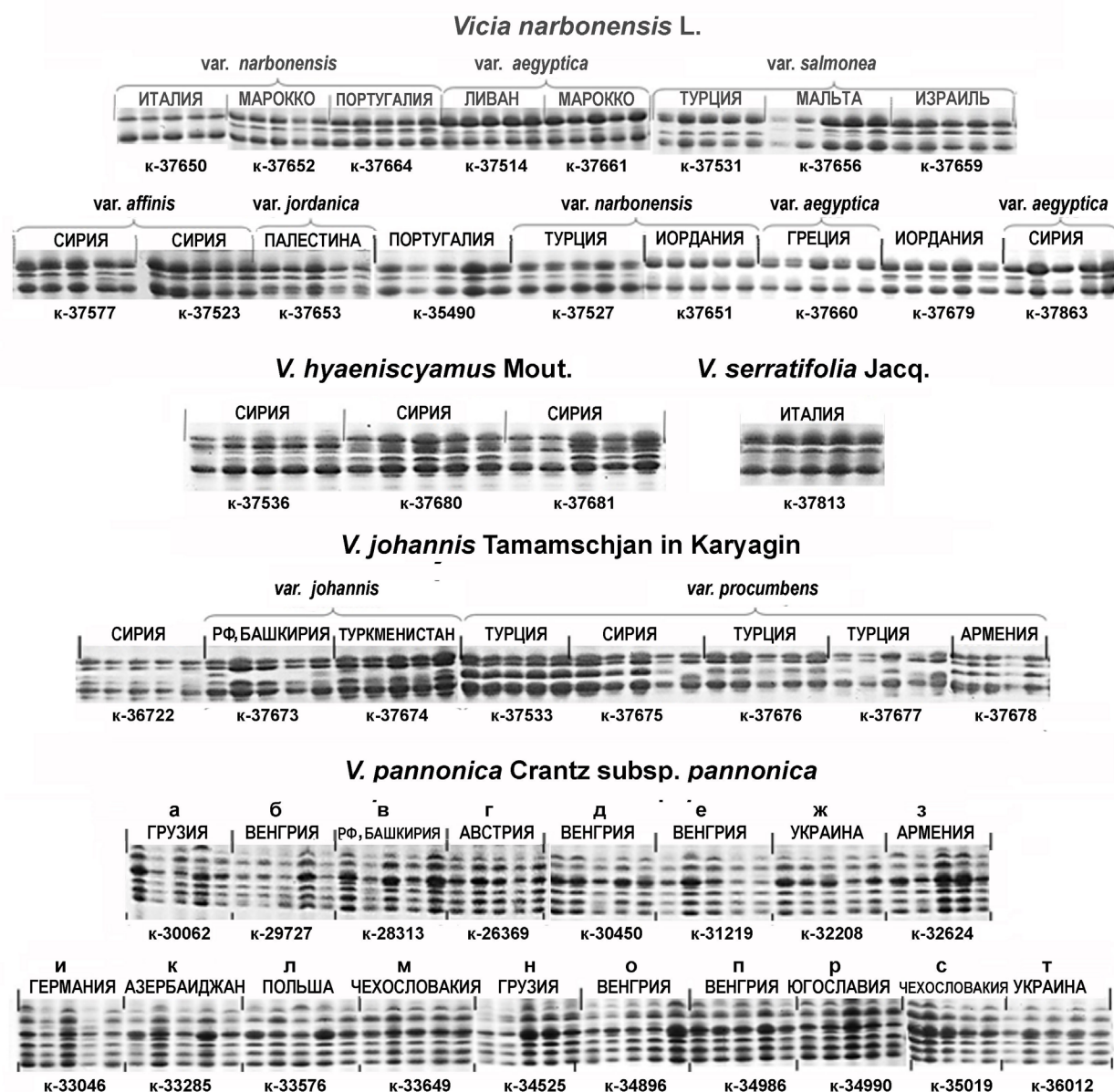
**Fig. 3. Fragments of legumin electrophoretic patterns (basic polypeptides zone) of five species of the genus *Vicia* L.**

Patterns numbering: 3 – *V. hyaeniscyamus* Mout. (к-37681), 4 – *V. narbonensis* var. *narbonensis* (к-37650), 15 – *V. serratifolia* Jacq. (к-37813), 17 – *V. johannis* var. *procumbens* H. Schäfer (к-37533), 36 – *V. pannonica* Crantz (к-33649). Patterns of the species are presented in several replications in random order. X1, X2 and X3 – other randomly selected seed accessions of three among the listed species (explanation in the text)

Это затрудняет их распознавание и для быстрой видовой идентификации они мало пригодны.

Чтобы показать, что вариабельность основных полипептидов внутри вида не выходит за рамки видоспеци-

фичного признака, приводим спектры основных полипептидов для всех проанализированных образцов пяти видов вики (рис. 4).



**Рис. 4. Спектры основных полипептидов ИС глобулина изученных образцов (обр.) *Vicia* L.:**

*V. hyaeniscyamus* Mout. – три обр., *V. narbonensis* L. – 17 обр., *V. serratifolia* Jack. – один обр., *V. johannis* Tamamschjan in Karyagin – восемь обр., *V. pannonica* Crantz – 18 обр. (названия образцов: а – сорт ‘Богдановская местная’, б – Pannonbükköny, в – Сорнополевая, г – сорт ‘Ангернская’, д – сорт ‘Beta’, е – Kiserleti gazdasag, ж – Венгерская, з – без названия (б/н), и – Anatolien, к – Сорнополевая, л – б/н, м – Chlumecka panonska, н – Грузинская, о – сорт ‘Maglodi’, п – сорт ‘Siofoki’, р – б/н, с – Pömbacher Toerring, т – сорт ‘Черноморская’)

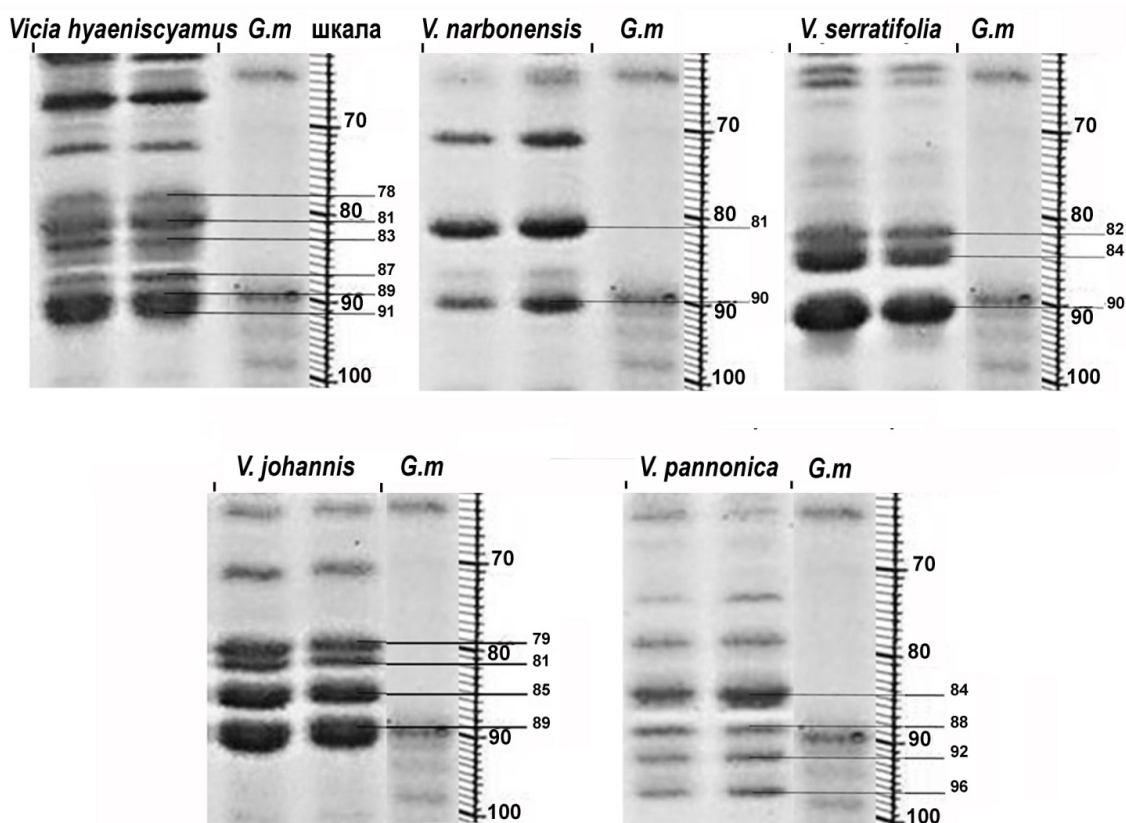
**Fig. 4. Banding patterns of the IS globulin basic polypeptides of the studied *Vicia* L. accessions (accs.):**

*V. hyaeniscyamus* Mout. – three accs., *V. narbonensis* L. – 17 accs., *V. serratifolia* Jack. – one acc., *V. johannis* Tamamschjan in Karyagin – eight accs., *V. pannonica* Crantz – 18 accs. (accession names: a – cv. ‘Bogdanovskaya local’, b – Pannonbükköny, c – Weedy, g – cv. ‘Angernskaya’, d – cv. ‘Beta’, e – Kiserleti gazdasag, f – Hungarian, h – no name (n/n), i – Anatolien, k – Weedy, l – (n/n), m – Chlumecka panonska, n – Georgian, o – cv. ‘Maglodi’, p – cv. ‘Siofoki’, r – (n/n), s – Pömbacher Toerring, t – cv. ‘Chernomorskaya’)

Проанализированные виды различаются по числу представленных образцов, что связано, с одной стороны, с малочисленностью образцов одних видов и, с другой стороны, с более широкой возможностью выборки в коллекции ВИР представителей других видов разного географического происхождения. Как отмечалось, из пяти видов, включенных в данное исследование, четыре принадлежат к близкородственным видам комплекса *V. narbonensis*. Внутривидовое разнообразие, входящих в состав *V. narbonensis* complex видов *V. narbonensis* и *V. johannis*, представлено на уровне разновидностей.

Как видно на рисунке 4, расположение основных полипептидов в спектрах в пределах вида остается неизменным, вне зависимости от происхождения образца и его принадлежности к внутривидовому таксону. Наблюдаемая небольшая внутривидовая вариабельность спектров связана с интенсивностью проявления отдельных компонентов, иногда до полного отсутствия, например, у образцов к-37650, к-37651 (*V. narbonensis* var. *narbonensis*) и к-37660 (*V. narbonensis* var. *aegyptica* Kornhuber ex Asch. & Schweinf.), что, возможно, связано с различными уровнями экспрессии кодирующих их генов, а так-

же с вероятным внутривидовым или внутрипопуляционным полиморфизмом по наличию/отсутствию отдельных компонентов как, например, у вида *V. hyaeniscyamus*, что позволяет предположить аллельную изменчивость соответствующих генов. Как говорилось выше, у видов, входящих в состав *V. narbonensis* complex, редко, но встречается перекрестное опыление, что может также служить одной из причин подобной слабой изменчивости, однако важно отметить, что она вполне укладывается в заключение о видовой специфичности спектра основных полипептидов легумина. Очевидно, что выявленная нами специфичность спектра данных полипептидов у видов комплекса *V. narbonensis* коррелирует с репродуктивной изоляцией последних (Enneking, Maxted, 1995). Это согласуется с полученными ранее данными о том, что компонентный состав отдельных групп белков, в частности, ингибиторов  $\alpha$ -амилаз и протеаз может быть специфичен для видов или отдельных генотипов. Это показано на примере пшеницы и родственных ей злаков (Konarev V.G, 2000), а также вигны (Konarev et al., 2002). В то же время другие группы белков могут отражать изменчивость на сортовом или внутрипопуляционном уровне



**Рис. 5. Регистрация основных полипептидов 11S глобулина видов *Vicia* L. с помощью «соевой шкалы»**  
G.m – белки семян сои *Glycine max*, использованные в качестве контроля

**Fig. 5. Registration of the 11S globulin basic polypeptides of *Vicia* L. species using the “soybean scale”**  
G.m – soybean *Glycine max* seed proteins used as a control

(Konarev A.I.V., 2000; Eggi, 2015; Eggi, Aleksandrova, 2019), причем это могут быть другие компоненты полных спектров белков семян, например вики, отличные от основных субъединиц IIS глобулина.

Многочисленные образцы сорнополевых и культурных форм *V. pannonica* различного географического происхождения демонстрируют практически полное однообразие по составу основных полипептидов легумина (см. рис. 4). То есть в пределах данного таксона отсутствует изменчивость по составу аллелей генов, кодирующих полипептиды. Характерное для *V. pannonica* преимущественно перекрестное опыление не повлияло на состав спектров. Результаты нашей предыдущей работы (Konarev et al., 2024) позволяют высказать предположение о специфичности спектров основных полипептидов легумина и для других видов секции *Hypechusa*, помимо *V. pannonica*. На рисунке 1 вышеупомянутой публикации (Konarev et al., 2024) приведены полные спектры белков семян нескольких видов данной секции, в которых, учитывая сведения из настоящей работы, можно иденти-

фицировать основные полипептиды легумина в соответствующей зоне спектров. По-видимому, состав данной группы компонентов специфичен и для отдельных видов секции *Bithynicae* (B. Fedtsch.) Maxted. и других групп видов вики, однако это предположение заслуживает более детального экспериментального подтверждения.

Позиции компонентов в спектрах можно легко зарегистрировать, например, используя разработанную ранее в ВИР последователями школы В.Г. Конарева «соевую шкалу» (рис. 5), основанную на неизменности полипептидного спектра культурной сои в пределах вида (Tarlakovskaya et al., 1990; Konarev A.I.V., 2000; Eggi, 2013; 2015; Mazin, Eggi, 2021). Шкала позволяет определять позиции компонентов анализируемого спектра белков независимо от степени их разгонки при электрофорезе.

«Белковые формулы» пяти проанализированных видов вики, как результат регистрации основных полипептидов IIS глобулина видов рода *Vicia*, представлены в таблице 2.

Таблица 2. «Белковые формулы» видов *Vicia* L.  
Table 2. “Protein formulas” of *Vicia* L. species

| Вид/ Species                               | № основных полипептидов 11S глобулина по «соевой шкале»*/ No. of the basic polypeptides of 11S globulin according to the “soybean scale”* |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |    |                        | «Белковая формула» вида/ “Protein formula” of the species |
|--------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|------------------------|-----------------------------------------------------------|
|                                            | 78                                                                                                                                        | 79 | 81 | 82 | 83 | 84 | 85 | 87 | 88 | 89 | 90 | 91 | 92 | 96 |                        |                                                           |
| <i>Vicia hyaeniscyamus</i> Mout.           | 1                                                                                                                                         |    | 1  |    | 1  |    |    | 1  |    | 1  |    | 1  |    |    | 78, 81, 83, 87, 89, 91 |                                                           |
| <i>V. narbonensis</i> L.                   |                                                                                                                                           |    | 1  |    |    |    |    |    |    |    | 1  |    |    |    | 81, 90                 |                                                           |
| <i>V. serratifolia</i> Jacq.               |                                                                                                                                           |    |    | 1  |    | 1  |    |    |    |    | 1  |    |    |    | 82, 84, 90             |                                                           |
| <i>V. johannis</i> Tamamschjan in Karyagin |                                                                                                                                           | 1  | 1  |    |    |    | 1  |    |    | 1  |    |    |    |    | 79, 81, 85, 89         |                                                           |
| <i>V. pannonica</i> Crantz                 |                                                                                                                                           |    |    |    |    | 1  |    |    | 1  |    |    |    | 1  | 1  | 84, 88, 92, 96         |                                                           |

\*интенсивные компоненты отмечены полужирным шрифтом/ \*intense components are marked in bold

В результате регистрации основных полипептидов IIS глобулина по «соевой шкале», «белковые формулы» для пяти видов вики выглядят следующим образом: *V. hyaeniscyamus* – 78, **81**, 83, **87**, **89**, 91; *V. narbonensis* – **81**, **90**; *V. serratifolia* Jacq. – 82, **84**, **90**; *V. johannis* – 79, 81, **85**, **89**; *V. pannonica* – **84**, 88, 92, 96.

Закключение

Электрофоретические спектры основных полипептидов IIS глобулинов – легуминов семян, – могут быть использованы для простой и быстрой идентификации видов и регистрации образцов семян видов рода *Vicia* в коллекции ВИР и коллекциях других генбанков. Дан-

ный подход показал, в частности, свою эффективность на близкородственных и трудноразличимых по морфологическим признакам видах *V. narbonensis* complex, где специфичность состава указанной группы полипептидов коррелирует с репродуктивной изоляцией видов. Полученные данные указывают на применимость данного метода и в отношении представителей других секций рода *Vicia*, например, секции *Hypechusa*, в состав которой входит преимущественно перекрестноопыляемый вид *V. pannonica*. Так, на большой выборке образцов культурных и сорнополевых форм *V. pannonica* различного географического происхождения показана однородность по спектрам основных полипептидов легумина. Эта зона электрофоретического спектра легумина пригодна для

использования при видовой идентификации семян как самоопыляющихся, так и перекрестноопыляемых видов вики, и представляется перспективной в отношении других бобовых и иных двудольных культур, что заслуживает отдельного экспериментального подтверждения. Метод целесообразно применять на первых этапах анализа семенного материала для его видовой идентификации, а более детальную характеристику образцов в отношении, например, внутривидовой изменчивости или выяснения сортовой принадлежности семян можно проводить на основании изучения полного спектра белков семян, изоферментов, ингибиторов ферментов или с привлечением широкого арсенала методов анализа ДНК.

## References/Литература

- Aleksandrova T. Vetches cultivated in the Russian Federation. In: *International congress on oil and protein crops. Abstract book; 2018 May 20-24; Chisinau, Republic of Moldova*. European Association for Research on Plant Breeding; Scientific Association of Geneticists and Breeders of the Republic of Moldova; 2018. p.59.
- Ali H.B., Osman S.A. Genetic relationship study of some *Vicia* species by FISH and total seed storage protein patterns. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 2020;18(1):37. DOI: 10.1186/s43141-020-00054-6
- Bechkri S., Medoukali L., Khelifi D. Ecogeographic variability and genetic diversity associated with seed albumins, globulins and prolamins patterns in *Vicia* taxa from Algeria. *Botanical Studies*. 2017;58:1-5. DOI: 10.1186/s40529-017-0177-7
- Bennett S.J., Maxted N. An ecogeographic analysis of the *Vicia narbonensis* complex. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 1997;44:411-428. DOI: 10.1023/A:1008688919569
- Bosmali I., Lagiotis G., Haider N., Osathanunkul M., Biliaderis C., Madesis P. DNA-based identification of Eurasian *Vicia* species using chloroplast and nuclear DNA barcodes. *Plants*. 2022;11(7):947. DOI: 10.3390/plants11070947
- Bouabid S., Jemai L., Zoghalmi Khélil A. Evaluation of the breeding system of two *Vicia narbonensis* L. accessions from East Mediterranean region. *Euro-Mediterranean Journal for Environmental Integration*. 2019;4:14. DOI: 10.1007/s41207-018-0095-4
- Breeding systems table. Available from: [https://cropgenebank.sgrp.cgiar.org/images/file/forage\\_legumes/breeding%20systems%20table.pdf](https://cropgenebank.sgrp.cgiar.org/images/file/forage_legumes/breeding%20systems%20table.pdf) [accessed Nov. 15, 2024].
- Cooke R.J. (ed.). Handbook of variety testing. Electrophoresis handbook: variety identification., Cambridge: Chemistry and QA Department, National Institute of Agricultural Botany; 1992. Available from: <https://www.seedtest.org/en/publications/handbooks.html> [accessed Nov. 15, 2024]
- Cooke R.J. Gel electrophoresis for the identification of plant varieties. *Journal of Chromatography A*. 1995;698(1-2):281-299. DOI: 10.1016/0021-9673(94)00649-T
- Dhull S.B., Kidwai M.K., Noor R., Chawla P., Rose P.K. A review of nutritional profile and processing of faba bean (*Vicia faba* L.). *Legume Science*. 2022;4(3):e129. DOI: 10.1002/leg3.129
- Eggi E.E. Identification of cultivars of narrow-leaved lupine (*Lupinus angustifolius* L.) using the electrophoretic profile of polypeptides in seed proteins: guidelines (Identifikatsiya sortov lyupina uzkolistnogo (*Lupinus angustifolius* L.) s ispol'zovaniem elektroforeticheskogo spektra polipeptidov belkov semyan: metodicheskiye ukazaniya). I.P. Gavriljuk (ed). St. Petersburg: VIR; 2013. [in Russian] (Егги Э.Э. Идентификация сортов люпина узколистного (*Lupinus angustifolius* L.) с использованием электрофоретического спектра полипептидов белков семян: методические указания / под ред. И.П. Гаврилюк. Санкт-Петербург: ВИР; 2013).
- Eggi E.E. Electrophoresis of seed proteins for the cultivar identification of high polymorphing crops on the example of eastern galega (*Galega orientalis* Lam.). *Agrarnaya Rossiya = Agrarian Russia*. 2015;(11):14-20. [in Russian] (Егги Э.Э. Электрофорез белков семян для сортовой идентификации высокополиморфных культур на примере козлятника восточного (*Galega orientalis* Lam.). *Аграрная Россия*. 2015;(11):14-20. DOI: 10.30906/1999-5636-2015-11-14-20)
- Eggi E.E., Aleksandrova T.G. Determination of an unknown accession of common vetch for compliance with the variety Yubileinaya 110 according to morphology and electrophoresis of seed protein. *Legumes and Groat Crops*. 2019;4(32):71-81. [in Russian] (Егги Э.Э., Александрова Т.Г. Определение соответствия неизвестного образца вики посевной сорту Юбилейная 110 по данным морфологии и электрофореза белков семян. *Зернобобовые и крупяные культуры*. 2019;4(32):71-81). DOI: 10.24411/2309-348X-2019-11135
- Eggi E.E., Aleksandrova T.G., Semenova E.V. The SDS electrophoresis method for monitoring and maintaining the purity of legume collections. In: *125 Years of Applied Botany in Russia: Book of abstracts of the Conference; 2019 November 25-28; St. Petersburg, Russia*. St. Petersburg: VIR; 2019. p.80. [in Russian] (Егги Э.Э., Александрова Т.Г., Семенова Е.В. Метод SDS электрофореза для мониторинга и сохранения чистоты коллекций бобовых культур. В кн.: *125 лет прикладной ботаники в России: сборник тезисов конференции; 25-28 ноября 2019 г.; Санкт-Петербург, Россия*. Санкт-Петербург: ВИР; 2019. С.80). URL: [http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2019/11/Sbornik-tezisos\\_125-let-prikladnoj-botaniki-v-Rossii-2.pdf](http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2019/11/Sbornik-tezisos_125-let-prikladnoj-botaniki-v-Rossii-2.pdf) [дата обращения: 19.11.2024].
- El-Badan G.E., Amin A.W., Ashour F.M., El-Sadek L.M. Allele frequency and genetic diversity of some species of genus *Vicia* L. using SDS-PAGE technique. *Egyptian Journal of Botany*. 2021;61(2):491-511. DOI: 10.21608/ejbo.2021.47720.1579
- El-Badan G.E., Amin A.W., Ashour F.M., El Sadek L.M. Characterization of the genetic diversity of some species of genus *Vicia* using ISSR and ITS molecular techniques. *Egyptian Journal of Botany*. 2022;62(2):475-492. DOI: 10.21608/ejbo.2022.84745.1732
- Enneking D., Maxted N. Narbon bean: *Vicia narbonensis* L. (Leguminosae). *Evolution of Crop Plants*. 1995:316-21.
- Firincioglu H.K., Ünal S., Doğruyol L. Phenotypic variation of *Vicia pannonica* Crantz (var. *pannonica* and var. *purpurascens*) in central Turkey. *Journal of Central European Agriculture*. 2011;12(1):82-91. DOI: 10.5513/JCEA01/12.1.882
- Gianfranco V., Ravalli C., Cremonini R. The karyotype as a tool to identify plant species: *Vicia* species belonging to *Vicia* subgenus. *Caryologia*. 2008;61(3):300-319. DOI: 10.1080/00087114.2008.10589642
- Han S., Sebastin R., Wang X., Lee K.J., Cho G.T., Hyun D.Y., Chung J.W. Identification of *Vicia* species native to South Korea using molecular and morphological characteristics. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:608559. DOI: 10.3389/fpls.2021.608559
- Hasan A.A., Haddad D.A., Ali L.M. The phylogenetic relationships between species of *Vicia* L. based on morphological characteristics and proteins present in seeds. *Asian Journal of Research in Botany*. 2023;6(2):225-232. Available from: <http://science.scpublishers.org/id/eprint/1656/1/Hasan622023AJRIB106921.pdf> [accessed Oct. 31, 2024].
- Heim U., Schubert R., Bäumlein H., Wobus U. The legumin gene family: structure and evolutionary implications of *Vicia faba* B-type genes and pseudogenes. *Plant Molecular Biology*. 1989;13:653-663. DOI: 10.1007/BF00016020
- Horstmann C., Schlesier B., Otto A., Kostka S., Müntz K. Polymorphism of legumin subunits from field bean (*Vicia faba* L. var. *minor*) and its relation to the corresponding multigene family. *Theoretical and Applied Genetics*. 1993;86:867-874. DOI: 10.1007/BF00212614
- Ibañez S., Medina M.I., Agostini E. *Vicia*: a green bridge to clean up polluted environments. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2020;104:13-21. DOI: 10.1007/s00253-019-10222-5
- Ilieva A., Naidenova G. Phenotypic evaluation of variability in quality traits of Hungarian vetch (*Vicia pannonica* ssp. *pannonica* Crantz) accessions. *Bulgarian Journal of Crop Science*. 2016;53(4):63-67.
- Interactive agricultural ecological atlas of Russia and neighboring countries. Available from: [https://agroAtlas.ru/en/content/related/Vicia\\_pannonica/index.html](https://agroAtlas.ru/en/content/related/Vicia_pannonica/index.html) [accessed Nov. 12, 2024].
- Khalid U., Waheed M.Q., Parveen N., Arif M.A.R., Arif A. Estima-

- tion of genetic diversity using seed storage protein (SSP) profiling in wild and cultivated species of *Cicer* L. *Molecular Biology Reports*. 2023;50(5):4175-4185. DOI: 10.1007/s11033-023-08358-9
- Khalik K.N.A., Al-Gohary I.H. Taxonomic relationships in some *Vicia* species from Egypt, based on seed morphology and SDS-PAGE of seed proteins. *Acta Scientiarum-Biological Sciences*. 2013;35(4):603-611. DOI: 10.4025/actasciobiolsci.v35i4.19345
- Konarev A.V., Tomooka N., Vaughan D.A. Proteinase inhibitor polymorphism in the genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis* and its biosystematic implications. *Euphytica*. 2002;123:165-177. DOI: 10.1023/A:1014920309710
- Konarev A.V. Insect and fungal enzyme inhibitors in study of variability, evolution and resistance of wheat and other *Triticeae* Dum. cereals. In: P.R. Shewry, A.S. Tatham (eds). *Wheat Gluten*. Cambridge: Royal Society of Chemistry; 2000. p.526-530. DOI: 10.1039/9781847552372-00526
- Konarev A.V., Eggi E.E., Aleksandrova T.G. Proteolytic degradation of seed proteins of vetch species (*Vicia* L. subgenus *Vicia*) of section *Peregrinae* Kupicha during SDS-electrophoresis and its prevention. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(3):5-18. [in Russian] (Конарев А.В., Егги Э.Э., Александрова Т.Г. Протеолитическая деградация белков семян видов вики (*Vicia* L. subgenus *Vicia*) секции *Peregrinae* Kupicha при SDS-электрофорезе и ее предотвращение. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(3):5-18). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-3-02
- Konarev V.G. (ed.). Identification of varieties and registration of the gene pool of cultivated plants based on seed proteins (Identifikatsiya sortov i registratsiya genofonda kul'turnykh rasteniy po belkam semyan). St. Petersburg: VIR; 2000. [in Russian] (Идентификация сортов и регистрация генофонда культурных растений по белкам семян / под ред. В.Г. Конарева. Санкт-Петербург: ВИР; 2000).
- Laemmli U.K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. 1970;227(5259):680-685. DOI: 10.1038/227680a0
- Maxted N. A phenetic investigation of *Vicia* L. subgenus *Vicia* (Leguminosae, *Viciae*). *Botanical Journal of the Linnean Society*. 1993;111(2):155-182. DOI: 10.1006/bojl.1993.1013
- Mazin A.M., Eggi E.E. Comparative evaluation of red clover genotypes with the "Pskovskiy mestnyy dvoukosnyy" variety. *Fodder production*. 2021;6(16-21). [in Russian] (Мазин А.М., Егги Э.Э. Сравнительная оценка сортообразцов клевера лугового с оригиналом сорта Псковский местный двукосный. *Кормопроизводство*. 2021(6):16-21). DOI: 10.25685/KRM.2021.35.75.001
- McGregor S.E. Clover and some relatives. In: McGregor S.E. *Insect pollination for cultivated crop plants*. Chapter 3. Agricultural Research Service, U.S. Department of Agriculture; 1976. Available from: <https://www.ars.usda.gov/ARSUserFiles/20220500/OnlinePollinationHandbook.pdf> [accessed Nov. 12, 2024].
- Mirali N. The use of SDS-PAGE seed protein variability within and among accessions to predict the mating system of some *Vicia* species. *Journal of Genetics and Breeding*. 2005;59(3/4):253.
- Potokina E.K.; Aleksandrova T.G. The pollination features in the annual species of the genus *Vicia*. (Osobennosti opyleniya u odnoletnikh vidov roda *Vicia* (Fabaceae)). *Botanical journal = Botanicheskii zhurnal*. 1996;81(1):74-79. [in Russian] (Потокина Е.К., Александрова Т.Г. Особенности опыления у однолетних видов рода *Vicia* (Fabaceae). *Ботанический журнал*. 1996;81(1):74-79).
- Potokina E., Endo Y., Eggi E., Ohashi H. Electrophoretic patterns of seed proteins in the East Asian *Vicia* species (Leguminosae) and their systematic utility. *Journal of Japanese Botany*. 2003;78(1):29-37.
- Salehi B., Abu-Reidah I.M., Sharopov F., Karazhan N., Sharifi-Rad J., Akram M., Daniyal M., Khan F.S., Abbaass W., Zainab R., Carbone K., Fahmy N.M., Al-Sayed E., El-Shazly M., Lucarini M., Durazzo A., Santini A., Martorell M., Pezzani R. *Vicia* plants – A comprehensive review on chemical composition and phytopharmacology. *Phytotherapy Research*. 2021;35(2):790-809. DOI: 10.1002/ptr.6863
- Shevkani K., Singh N., Chen Y., Kaur A., Yu L. Pulse proteins: Secondary structure, functionality and applications. *Journal of Food Science and Technology*. 2019;56:2787-2798. DOI: 10.1007/s13197-019-03723-8
- Shewry P.R., Napier J.A., Tatham A.S. Seed storage proteins: structures and biosynthesis. *The Plant Cell*. 1995;7(7):945-956. DOI: 10.1105/tpc.7.7.945
- Shutov A.D., Kakhovskaya I.A., Braun H., Bäumlein H., Müntz K. Legumin-like and vicilin-like seed storage proteins: evidence for a common single-domain ancestral gene. *Journal of Molecular Evolution*. 1995;41:1057-1069. DOI: 10.1007/BF00173187
- Tarlakovskaya A.M., Eggi E.E., Gavriluyk I.P. Belyaeva Zh.I. (comp.) Identification of pea varieties by electrophoresis of seed proteins: guidelines (Identifikatsiya sortov gorokha metodom elektroforeza belkov semyan: metodicheskiye ukazaniya). V.G. Konarev (ed.). Leningrad: VIR; 1990. [in Russian] (Идентификация сортов гороха методом электрофореза белков семян: методические указания / сост.: А.Н. Тарлаковская, Э.Э. Егги, И.П. Гаврилюк, Ж.И. Беляева ; под ред. В.Г. Конарева. Ленинград: ВИР; 1990).
- Tripathy S.K. Legume seed storage proteins – A review. *Advances in Bioresearch*. 2018;9(6):152-162. DOI: 10.15515/abr.0976-4585.9.6.152162
- Tucci M., Capparelli R., Costa A., Rao R. Molecular heterogeneity and genetics of *Vicia faba* seed storage proteins. *Theoretical and Applied Genetics*. 1991;81:50-58. DOI: 10.1007/BF00226111
- Vishnyakova M.A., Seferova I.V., Buravtseva T.V., Burlyayeva M.O., Semenova E.V., Filipenko G.I., Aleksandrova T.G., Egorova G.P., Yankov I.I., Bulyntsev S.V., Gerasimova T.V., Drugova E.V. VIR global collection of grain legume crop genetic resources: replenishment, conservation and studying: methodological guidelines. M.A. Vishnyakova (ed.). 2nd ed. St. Petersburg: VIR, 2018. [in Russian] (Вишнякова М.А., Сеферова И.В., Буравцева Т.В., Бурляева М.О., Семенова Е.В., Филипенко Г.И., Александрова Т.Г., Егорова Г.П., Яньков И.И., Булынецов С.В., Герасимова Т.В., Другова Е.В. Коллекция мировых генетических ресурсов зерновых бобовых ВИР: пополнение, сохранение и изучение: (методические указания). 2-е изд. / под ред. М.А. Вишняковой. Санкт-Петербург: ВИР; 2018).
- Warsame A.O., Michael N., O'Sullivan D.M., Tosi P. Seed development and protein accumulation patterns in faba bean (*Vicia faba*, L.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2022;70(30):9295-9304. DOI: 10.1021/acs.jafc.2c02061
- Zha F., Rao J., Chen B. Modification of pulse proteins for improved functionality and flavor profile: A comprehensive review. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*. 2021;20(3):3036-3060. DOI: 10.1111/1541-4337.12736

## Информация об авторах

**Элли Эвартовна Егги**, кандидат биологических наук, ведущий специалист, отдел биохимии и молекулярной биологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [zininaanna@yandex.ru](mailto:zininaanna@yandex.ru), <https://orcid.org/0009-0009-9554-4855>

**Татьяна Геннадьевна Александрова**, научный сотрудник, отдел генетических ресурсов зерновых бобовых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [t.alexandrova@vir.nw.ru](mailto:t.alexandrova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0001-9152-4528>

**Александр Васильевич Конарев**, доктор биологических наук, главный специалист, лаборатория сельскохозяйственной энтомологии, Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений (ВИЗР), 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин,

---

ш. Подбельского, 3; ведущий специалист, отдел биохимии и молекулярной биологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, alv-konarev@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5148-2850>

### ***Information about the authors***

**Elly E. Eggi**, Cand. Sci. (Biology), Leading Specialist, Department of Biochemistry and Molecular Biology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [zininaanna@yandex.ru](mailto:zininaanna@yandex.ru), <https://orcid.org/0009-0009-9554-4855>

**Tatiana G. Aleksandrova**, Researcher, Department of Leguminous Crop Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [t.alexandrova@vir.nw.ru](mailto:t.alexandrova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0001-9152-4528>

**Alexander V. Konarev**, Dr. Sci. (Biology), Chief Specialist, Laboratory of Agricultural Entomology, All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), 3, Podbelskogo Highway, Pushkin, St. Petersburg, 196608 Russia; Leading Specialist, Department of Biochemistry and Molecular Biology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [alv-konarev@yandex.ru](mailto:alv-konarev@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0002-5148-2850>

**Вклад авторов:** все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

**Contribution of the authors:** the authors contributed equally to this article.

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interests:** the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 19.11.2024; одобрена после рецензирования 13.01.2025; принята к публикации 13.02.2025.

The article was submitted on 19.11.2024; approved after reviewing on 13.01.2025; accepted for publication on 13.02.2025.