

SSR-МАРКЕРЫ В ИЗУЧЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СОРТОВ ГРУШИ

**Марцинкевич Т. Н., Якимович О. А., Гашенко Т. А.,
Кондратенюк Ю. Г., Кухарчик Н. В.**

РУП «Институт плодоводства»

аг. Самохваловичи, Минский район, Республика Беларусь

Сохранение генетического многообразия плодовых растений, их сортовая идентификация сегодня является актуальной задачей, т. к. все активнее происходит индустриализация агропромышленного комплекса, изменение климатических условий, появление генетически модифицированных растений, из-за которых и происходит обеднение культурного генофонда.

Плодовые культуры имеют сложную полиплоидную природу и большинство из них являются гетерозиготными по многим признакам, поэтому глубокий генетический анализ культуры требует много времени и средств.

В настоящее время наиболее эффективными методами для изучения генетического разнообразия, выяснения филогенетических взаимосвязей на различных таксономических уровнях являются методы, основанные на анализе полиморфизма первичной структуры ДНК. Среди молекулярных маркеров, пригодных для целей идентификации сортов груши, отмечают маркеры типа RFLP, RAPD, ISSR, AFLP [1]. Но наиболее удобными в использовании являются SSR (simple sequence repeat). SSR-локусы распределены по всему геному груши, высокополиморфны, кодоминантны, их анализ обеспечивает достоверную воспроизводимость результатов. Данный тип маркеров все чаще используют для дифференцировки растений внутри вида, идентификации и паспортизации сортов; составления генетических карт; маркерной селекции и изучения генетического разнообразия сортов культурных растений [2].

Одним из наиболее крупных проектов в данной области исследований является работа Национального центра сохранения генетических ресурсов Государственного департамента США по сельскому хозяйству (USDA-ARS-National Center for Genetic Resources Preservation). В проекте проведена оценка уровня генетического разнообразия коллекции образцов диких видов груши, собранных в Европе и на Ближнем востоке, а также коллекции сортов и видов яблони (1900 образцов). В результате было выявлено несколько дубликатных образцов и сформирована база данных геномных отпечатков. В исследовании был использован ряд ДНК-маркеров, идентифицированных в геноме яблони.

Данным подходом пользуются во всем мире, благодаря высокой консервативности фланкирующих простые повторы последовательностей этих двух видов [3, 4].

Целью данной работы являлся сравнительный анализ полиморфизма 6-ти SSR-маркеров, используемых для идентификации генетически отдаленных генотипов груши с применением фрагментного анализа на автоматическом генетическом анализаторе GenoLab GeXP Genetic Analysis (Beckman Coulter).

Объектом исследования являлись 29 сортов груши различного географического происхождения из национальной коллекции генетических ресурсов РУП «Институт плодородства». В исследовании использовали набор маркеров: CH01c06, CH02c02b, CH02b12, CH04h02, CH03d12, SdSSR. Анализ проводился в лаборатории генетических ресурсов плодовых, ягодных и орехоплодных культур РУП «Институт плодородства». Анализ уровня полиморфизма SSR-маркеров проводили с помощью величины PIC (polymorphic information content). PIC – эта мера информационного полиморфизма, определяется способностью маркера устанавливать полиморфизм в популяции в зависимости от числа обнаруживаемых аллелей и распределения их частот. Для доминантных маркеров максимальное значение PIC составляет 0,5. Но для маркеров с равным распределением частот внутри популяции величина PIC выше. Маркеры с множественными аллелями имеют еще большие значения этого показателя, однако при этом величина PIC также зависит от распределения частот аллелей. Таким образом, PIC выявляет дискриминационную способность маркера, фактически зависит от числа известных (устанавливаемых) аллелей и распределения их частот и тем самым эквивалентна генному разнообразию. Коэффициент полиморфизма был рассчитан отдельно для каждого локуса микросателлитных последовательностей. Значение коэффициента вычисляли по формуле: $PIC = 1 - \sum(P_i)^2$, где P_i – частота встречаемости i -го аллеля [5].

Все использованные нами SSR-маркеры выявили полиморфизм в группе изучаемых сортов. По результатам SSR-анализа для сортов груши были получены данные о частоте встречаемости аллелей и о размере амплифицированных последовательностей для каждой из них. Так, с помощью 6 SSR-маркеров в геномах рабочей группы сортов было выявлено 112 полиморфных аллелей. Количество аллелей на маркер колебалось от 10 до 32 со средним значением 18,6. Наименьшее количество аллелей было обнаружено в локусе CH01c06, максимальное – в локусе CH02b12. При расчете частоты встречаемости аллелей, значение индекса информативности (PIC) варьировало от 0,13 до 0,76, среднее значение PIC составило 0,49. Выявление 112 аллелей в геноме груши было

связано с тем, что в анализ было вовлечено несколько генетически отдаленных образцов, а значение индекса информативности (0,49) объяснило, что большая часть исследуемых сортов в своей родословной имеет ограниченный круг генотипов, что приводит к снижению генетического разнообразия груши. В частности, в родословной 29 исследуемых образцов сорт Fondante des bois встречается 7 раз, Olivier de Serres – 6 раз, Veurre Bosk – 2 раза.

Таким образом, рассмотренные маркеры имеют достаточно высокое значение индекса полиморфизма, что свидетельствует и о хорошей информативности, и о высоком уровне их полиморфизма в геноме исследованных сортов груши. Выбранная группа SSR-маркеров пригодна для целей ДНК-паспортизации.

Выполнение исследований такого рода позволит не только существенно дополнить научную информацию о филогенетических взаимосвязях внутри рода, а также получить исходные данные для создания базы данных ДНК-паспортов плодовых культур.

ЛИТЕРАТУРА

1. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis / W. Powell [et al.] // Mol. Breed. – 1996. – V.2. – P. 225-238.
2. Разработка мультиплексных наборов SSR-маркеров для использования в изучении генетического разнообразия в пределах родов Malus, Prunus и Pyrus / И. И. Супрун [и др.] // Сб. науч. тр. / ГНУ СКЗНИИСиВ Россельхозакадемии, Краснодар. – 2013. – Том. 1. – С. 30-38.
3. The USDA-ARS national plant germplasm system malus collection: diversity of cultivars and wild species / G. M. Volk [et al.] // Sixth Rosaceous Genomics Conference (RGC6): program and book of abstracts (30th September-4th October 2012) / Mezzocorona (Trento), Italy. – 2012. – P. 131.
4. SSRs isolated from apple can identify polymorphism and genetic diversity in pear / T. Yamamoto [et al.] // Theor. Appl. Genet. – 2001. – V. 102. – P. 865-870.
5. Чесноков, Ю. В. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия / Ю. В. Чесноков, А. М. Артемьева // С-х. биология / ФГБНУ ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н. И. Вавилова (ВИР). – Санкт Петербург, 2015. – Т. 50, № 5. – С. 571-578.

УДК 631.8:633.15

ПРИЕМЫ ПОВЫШЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ КУКУРУЗЫ К НЕБЛАГОПРИЯТНЫМ ПОГОДНЫМ УСЛОВИЯМ

Мезенцева Е. Г., Кулеш О. Г.

РУП «Институт почвоведения и агрохимии»

г. Минск, Республика Беларусь

Территория Беларуси относится к зоне рискованного земледелия. Колебания урожайности сельскохозяйственных культур в зависимости