

листьев преимущественно среднего яруса чеснока (сорт Полет и смесь сортов). На нем определен вид *P. porri*. В 2021 г. в середине мая после дождей при дневной температуре 12-13 °С ржавчина зафиксирована на черемше *A. ursinum* как в лиственном лесу в Дзержинском р-не, так и на приусадебных участках в г. Минске. На листьях на хлоротичных овальных пятнах с нижней стороны располагались эллиптическими кольцами светло-желтые подушечки эциального спороношения *P. porri*. Интересно отметить, что спороношение быстро уничтожалось слизнями. Таким образом, можно говорить о вспышках поражения луков ржавчинником *P. porri*.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Скорина, В. В. Овощеводство. Луковые культуры. Курс лекций: учеб.-метод. пособие / В. В. Скорина, Вит. В. Скорина, И. Г. Берговина. – Горки: БГСХА, 2020. – 60 с.
2. Штайнерт, Т. В. Создание и использование генофонда луковых растений в Сибири / Т. В. Штайнерт, А. В. Алилуев, Л. М. Авдеенко, Е. Г. Гринберг // Овощи России. – № 3 (41). – 2018. – С. 16-21.
3. Алексеева, К. Л. Ржавчина многолетних луков / К. Л. Алексеева, М. И. Иванова, А.И. Кашлева // Овощи России. – № 2 (131). – 2016. – С. 86-89.
4. *Allium ursinum* L., *Allium victorialis* L. // Плантариум. Растения и лишайники России и сопредельных стран: [Электронный ресурс]. – URL: <https://www.plantarium.ru/page/view/item/2237.html>. – Дата доступа: 29.01.2022.
5. Купреенко, Н. П. Лук и чеснок / Н. П. Купреенко. – Минск: ООО «Красико-Принт», 2019. – 64 с.

УДК 634.23:631.523

### МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПАСПОРТИЗАЦИЯ РАЙОНИРОВАННОГО СОРТИМЕНТА ВИШНИ В БЕЛАРУСИ

Полубятко И. Г., Гашенко Т. А., Таранов А. А.

РУП «Институт плодоводства»

аг. Самохваловичи, Республика Беларусь

Идентификация генотипов растений, установление сортовой принадлежности у плодовых культур является важным аспектом при изучении генетического разнообразия коллекций и все чаще ложится в основу селекционного процесса. У плодовых растений создание нового сорта с заданными параметрами может составлять, в зависимости от набора приоритетных признаков, от 20 до 30 лет. Возможность использования генетических источников – носителей тех или иных признаков, наличие которых подтверждено объективной оценкой, повышает эффективность селекционного процесса. Поэтому особенно актуальным

стало применение современных молекулярно-генетических методов для идентификации генотипов плодовых растений. Одним из наиболее распространенных для изучения генетического разнообразия растений, а также генотипирования отдельных образцов является метод SSR-маркирования, основанный на анализе полиморфизма микросателлитных (или SSR-Simple Sequence Repeats) локусов генома.

Микросателлитные маркеры успешно использовались для исследования генетического разнообразия и паспортизации американской коллекции тетраплоидной вишни [1], коллекций сортов вишни из Латвии [2] и Ирана [3]. Однако следует отметить, что отечественный генотип вишни мало изучался с использованием современных молекулярно-генетических подходов. Поэтому целью данной работы было SSR-маркирование 12 сортов вишни и оценка их генетического разнообразия.

Объектами исследований являлись 12 сортов вишни (Памяти Вавилова, Гриот Белорусский, Вянок, Новодворская, Уйфехертой Фюртош, Несвижская, Сеянец № 1, Ливенская, Ласуха, Жывица, Ровесница, Тургеневка), включенных в Государственный реестр сортов Республики Беларусь и разрешенных для возделывания в хозяйствах разных форм собственности.

ДНК была выделена из листьев вишни набором Genomic DNA Purification Kit согласно рекомендованному протоколу. Для анализа генетического разнообразия сортов вишни обыкновенной были использованы 7 SSR-маркеров серии ЕМРА (ЕМРА018, ЕМРА007, ЕМРА005, ЕМРА015, ЕМРА006, ЕМРА001, ЕМРА026) и 3 маркера серии ВРРСТ (ВРРСТ016, ВРРСТ040, ВРРСТ004) [4, 5]. Маркеры были сгруппированы в наборы по 2-3 пары с учетом имеющихся сведений об их размерах.

Аmplification с праймерами серии ЕМРА проводили в следующих условиях: I этап, 1 цикл, 95 °С – 5 мин; II этап, 10 циклов: 95 °С – 40 с, 60 °С – 60 с (-1 °С на цикл), 72 °С – 30 с; 25 циклов: 95 °С – 40 с, 50 °С – 60 с, 72 °С – 30 с; III этап, 72 °С – 5 мин. Amplification с праймерами серии ВРРСТ проводили в условиях: I этап, 1 цикл, 95 °С – 5 мин; II этап, 35 циклов: 95 °С – 40 с, 57 °С – 60 с, 72 °С – 30 с; III этап, 72 °С – 5 мин.

Для подтверждения наличия продуктов амплификации предварительно визуализировали в 1,5%-м агарозном геле. Далее продукты ПЦР визуализировали в ультрафиолетовом свете. Фрагментный анализ проводили на генетическом анализаторе «GenomeLab GeXP Beckman Coulter». В качестве стандарта молекулярного веса использовали внут-

ренный стандарт GenomeLab DNA Size Standard Kit-600 (Beckman Coulter).

Для каждого используемого маркера определялась длина аллелей и количество полиморфных фрагментов для каждого сорта. Количество аллелей на локус варьировало от 2 (EMPA006) до 20 (EMPA015). Наименее полиморфным оказался локус EMPA006, количество обнаруженных аллелей составило 2. С помощью маркеров EMPA007 и ВРРСТ016 количество обнаруженных аллелей составило 4. В локусах EMPA018, ВРРСТ004 и EMPA005 выявили 8, 9 и 10 аллелей. С помощью маркеров ВРРСТ040 и EMPA001 в геноме тестируемых образцов удалось выявить 12 и 13 полиморфных аллелей. Максимальное количество аллелей 15 и 20 было выявлено в локусах EMPA026 и EMPA015. Для 12 проанализированных сортов вишни было выявлено 97 аллелей по десяти изученным локусам. Количество выявляемых аллелей в локусе зависит от состава выборки исследуемых образцов и значительно увеличивается при большем разнообразии генотипов.

Таким образом, был проведен анализ полиморфизма 10 микросателлитных локусов 12 сортов вишни обыкновенной. В результате исследований, на основе анализа микросателлитных локусов, была выполнена ДНК-паспортизация сортов вишни, что положило начало формированию базы ДНК-паспортов данной культуры. Данные об аллельном составе изученных сортов вишни могут быть использованы в селекции для идентификации и паспортизации данных сортов и для сохранения и поддержания генетической коллекции косточковых.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. DNA Fingerprinting of Tetraploid Cherry Germplasm Using Simple Sequence Repeats / C. Cantini [et al.] // Journal of American Society of Horticultural Sciences. – 2001. – 126 (2) – P. 205-209.
2. Lacin, G. SSR marker-based fingerprinting for sour cherry (*Prunus cerasus*) genetic resources identification and management / G. Lacin, I. Kota // XIII Eucarpia Symposium on Fruit Breeding and Genetics. 2011. – 976. – P. 251-256.
3. Genetic variation and identification of promising sour cherries inferred from microsatellite markers / R. Najafzadeh [et al.] // Russian Journal of Genetics. – 2016. – 52 (1) – P. 64-73.
4. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.) / Dirlewanger E. [et al.] // Theoretical Applied Genetics. – 2002. – Vol. 105. – P. 127-138. doi 10.1007 / s00122-002-0867-7.
5. Clarke, J. B. Development and characterization of polymorphic microsatellites from *Prunus avium* «Napoleon» / J. B. Clarke, K. R. Tobbutt // Molecular Ecology Notes. – 2003. – Vol. 3. – P. 578-580. doi 10.1046/j.1471-8286.2003.00517.x