

Полиморфизм локусов митохондриальной ДНК у образцов картофеля, отличающихся по признаку мужской фертильности/стерильности и обладающих разными типами цитоплазм

О.Ю. Антонова^{1*}, Н.В. Алпатьева¹, К.В. Егорова^{1,2}, Н.С. Клименко¹,
Ю.И. Карабичина¹, Т.А. Гавриленко^{1,2}

¹ *ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия*

² *Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия*

* e-mail: olgaant326@mail.ru

В работе изучен полиморфизм локусов митохондриального генома у сортов и селекционных клонов картофеля, имеющих, согласно классификации Hosaka, Sanetomo (2012), стерильные (T/beta, W/gamma, D = W/alpha) и фертильный (P/beta) типы цитоплазм. Материал был фенотипирован по признаку фертильности/стерильности пыльцы.

Методом секвенирования были проанализированы участки генов, которые, согласно литературным данным, могут быть связаны с цитоплазматической мужской стерильностью (ЦМС), а именно: гены АТФ-синтаз (*atp6*, *atp9*), интроны генов *nad2*, *nad7*, *cox2*, *CcmFc*, *rps3* и межгенный спейсер *nad1/atp6*. Данные последовательности идентифицированы нами в неаннотированном митохондриальном геноме *Solanum phurea* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/JF772172.1>). Для их амплификации было разработано 11 пар праймеров, ПЦР-продукты были секвенированы на приборе ABI 3500xl в ЦКП «Геномные технологии и клеточная биология» (ФГБНУ ВНИИСХМ). Независимо от типа цитоплазмы образцов, участки генов *nad2*, *nad7*, *cox2*, *rps3* и *atp6* были идентичны друг другу и референсной последовательности JF772172.1. В межгенном спейсере *nad1/atp6* обнаружен один полиморфный сайт (замена G→T), позволяющий отличать образцы с beta-типом мт-ДНК. Последовательность мт-локуса *atp9* у изученных генотипов была представлена несколькими вариантами, отличавшимися друг от друга 1–17 заменами. У селекционного клона NV20 (gamma-тип мтДНК) выявлен «усеченный» вариант последовательности гена *CcmFc* – фрагмент длиной 687 п. о., тогда как основной амликон имел длину 2016 п. о. Обнаруженные отличия не оказывали влияния на признак фертильности пыльцы.

Дополнительно был проанализирован локус *rps14/cob*, в котором ранее методом ПДРФ анализа были выявлены фрагменты, специфичные для стерильного W/gamma типа цитоплазмы. С помощью разработанных нами полиморфных CAPS-маркеров показано отсутствие полиморфизма в данном локусе у 202 образцов с alpha- и beta- типами мтДНК – все они относились к одному митотипу rumD1. В то же время, 26 сортов с тетрадной мужской стерильностью (цитоплазма W/gamma), разделились на 14 митотипов. Объяснением высокого полиморфизма локуса *rps14/cob* у сортов с цитоплазмой W/gamma могут быть перестройки в мтДНК, происходящие при межвидовой гибридизации. Дальнейшие исследования будут связаны с секвенированием выявленных полиморфных вариантов локуса *rps14/cob*.
Благодарности: Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 16-16-04125.