

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВЗАИМОСВЯЗЕЙ МЕЖДУ СОРТАМИ И ВИДАМИ ХРИЗАНТЕМЫ САДОВОЙ

Зыкова Вера Константиновна¹, Кривошеев Дмитрий Михайлович², Изюмов Игорь Сергеевич³, Галушко Дарья Павловна³, Кузнецова Надежда Александровна³, Азарова Виктория Вадимовна³, Грачева Екатерина Алексеевна³, Кондрашов Борис Сергеевич³, Смыкова Наталия Владимировна¹, Золотарева Альбина Геннадиевна¹, Хайленко Елена Владимировна¹, Цюпка Валентина Анатольевна¹

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН»,
Россия, Республика Крым, г. Ялта, пгт. Никита

²Вологодский государственный университет
Россия, Вологда

³Образовательный Центр «Сириус»
Россия, Федеральная территория «Сириус»
zykova.vk@mail.ru

Хризантема садовая является одной из наиболее популярных цветочных культур, как для озеленения, так и для выращивания на срез цветов. Создание новых сортов методом гибридизации затрудняется отсутствием информации о происхождении большинства сортов, а также наличием у хризантем генов спорофитной самонесовместимости. Для определения генетической близости 22 сортов и 3 видов хризантем было проведено их исследование с использованием SSR-маркеров.

В связи с накоплением вторичных метаболитов в тканях хризантем был необходим подбор метода выделения ДНК. Установлено, что для выделения достаточного количества наиболее чистой ДНК метод СТАВ в модификации ВИР с дополнительной промывкой с поливинилпирролидоном более эффективен по сравнению с выделением при помощи коммерческого набора реагентов «ДНК Экстран-3» для выделения ДНК из тканей растений (EX-513) фирмы Синтол. Концентрация ДНК, полученной из 100 мг сырья указанным методом, составила 10,85–440,70 нг/мкл. При этом спектральные характеристики полученных препаратов, в основном, лежали в пределах нормы: значения отношения $A_{260/230}$ составили 1,54–2,64, а отношения $A_{280/260}$ – 1,76–2,03.

Для определения генетической близости были использованы 6 SSR-маркеров: JH 30, JH 89, KNUCRY 10, KNUCRY 59, KNUCRY 98, KNUCRY 85. Число аллелей на локус у изученных генотипов составило от 1 (KNUCRY 10) до 7 аллелей (JH 89). В результате анализа полученных результатов среди изученного сортимента выявлены 3 пары генетически близких сортов ('Акимия' и 'Рандеву', 'Кира' и 'Медея', 'Ялтинская Юбилейная' и 'Costa'). Соответственно определены генетически отдаленные сорта, перспективные для формирования родительских пар при гибридизации. Также установлено, что *Chrysanthemum pacificum* Nakai и *C. zawadzki subsp. peleolepis* (Trautv.) Zuev генетически близки к крупноцветковым сортам, а *C. zawadzki subsp. zawadzki* Herbich – к мелкоцветковым сортам хризантемы.

Ключевые слова: ДНК, SSR-маркеры, генотип, селекция, гибридизация.

GARDEN CHRYSANTHEMUM VARIETIES AND SPECIES

Zykova Vera Konstantinovna¹, Krivosheev Dmitry Mikhailovich², Iziyov Igor Sergeevich³, Galushko Daria Pavlovna³, Kuznetsova Nadezhda Aleksandrovna³, Azarova Victoria Vadimovna³, Gracheva Ekaterina Alekseevna³, Kondrashov Boris Sergeevich³, Smykova Natalia Vladimirovna¹, Zolotaryova Albina Gennadiyevna¹, Khailenko Elena Vladimirovna¹, Tsyupka Valentina Anatolievna¹

¹*Federal State Budgetary Scientific Institution “Nikita Botanical Gardens - National Scientific Center of RAS”*

Nikita settlement, Yalta, Republic of Crimea, Russia

²*Vologda State University*

Russia, Vologda

³*Sirius Educational Center*

Russia, Sirius Federal Territory

zykova.vk@mail.ru

Garden chrysanthemum is one of the most popular flower cultures, both for landscaping and flower industry. Creation of its new varieties by way of hybridization is complicated by the lack of information about the origin of most varieties, as well as by the presence of sporophytic self-incompatibility genes in chrysanthemums. In order to determine the genetic proximity of 22 varieties and 3 chrysanthemum species, these were studied using SSR markers.

Due to the accumulation of secondary metabolites in chrysanthemum tissues, it was necessary to select a method of DNA isolation. The CTAB method, modified by VIR and coupled with the bathing with polyvinylpyrrolidone, was found to be more effective for extraction of a sufficient amount of the purest DNA in comparison with extraction through a commercial kit DNA Extran-3 used for the extraction of DNA from plant tissues (EX-513) by Sintol. The concentration of DNA obtained from 100 mg of raw material by the above method was 10.85–440.70 ng/μL. At the same time, the spectral characteristics of the obtained specimen were mostly within the normal range: the values of the A260/230 ratio were 1.54–2.64, and the A280/260 ratio was 1.76–2.03.

Six SSR markers were used to determine genetic proximity: JH 30, JH 89, KNUCRY 10, KNUCRY 59, KNUCRY 98, KNUCRY 85. The number of alleles per locus in the genotypes studied ranged from 1 (KNUCRY 10) to 7 alleles (JH 89). As a result of the analysis of the results, three pairs of genetically similar varieties ('Akimiya' and 'Rendezvous', 'Kira' and 'Medea', 'Yalta Jubilee' and 'Costa') were identified among the studied assortments. Accordingly, genetically distant varieties that are promising for the formation of parental pairs in hybridization were identified. It was also found that *Chrysanthemum pacificum* Nakai and *C. zawadzkii* subsp. *peleolepis* (Trautv.) Zuev is genetically close to large-flowered varieties, and *C. zawadzkii* subsp. *zawadzkii* Herbich – to small-flowered varieties of chrysanthemum.

Keywords: DNA, SSR-markers, genotype, breeding, hybridization.