

## ПОИСК ДНК-МАРКЕРОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫМИ ПРИЗНАКАМИ.

**Розанова Ирина Вениаминовна<sup>1,2</sup>, Смыков Анатолий Владимирович<sup>2,3</sup>, Месяц Наталья Васильевна<sup>3</sup>, Водясова Екатерина Александровна<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>ФГБНУ *Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Россия, Санкт-Петербург,*

<sup>2</sup>*Курчатовский геномный центр «НБС-ННЦ», Россия, Ялта, пгт. Никита*

<sup>3</sup>*Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН», Россия, Республика Крым, г. Ялта, пгт. Никита*

*[i.rozanova@vir.nw.ru](mailto:i.rozanova@vir.nw.ru)*

Персик (*Prunus persica* (L)) является одним из наиболее важных косточковых видов умеренной зоны. По сведениям Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН, площадь посадок, занятых под персиковые сады в России, составляет 6 тыс га, что позволяет производить 6619,2 кг/га фруктов (<http://www.fao.org/faostat/en/#data>). Персик превосходно подходит для использования в диетическом меню, так как является питательным продуктом, но при этом низкокалорийным. Также он считается источником ценных веществ, которые при употреблении могут оказывать положительное влияние на здоровье. К примеру, употребление персиков препятствует возникновению мочекаменной болезни. Однако на данный момент недостаточно информации о том, какие сорта более богаты минеральными элементами, какие менее. Мировое растениеводство, в том числе и в России, ориентировано на здоровый образ жизни и потребление продуктов, которые могут дать необходимый набор микроэлементов, поэтому повышенное содержание полезных для здоровья веществ во фруктах становится одним из важных показателей конкурентоспособности сортов.

В конце XX века подходы традиционной селекции были дополнены методами ускоренного отбора на основе анализа полиморфизма ДНК. Один из таких подходов – маркер-ориентированная селекция (МОС) – основан на использовании ДНК-маркеров, диагностических для хозяйственно-ценных признаков. Для того чтобы разработать ДНК-маркеры, способные точно предсказать фенотип, необходимо провести предварительное картирование локусов, контролирующих хозяйственно-ценные признаки.

В последние годы для поиска ассоциаций между фенотипом и генотипом используется полногеномный анализ ассоциаций (GWAS, genome-wide association study), который значительно расширяет генетическое разнообразие доноров ценных признаков. Одним из условий, необходимых для проведения GWAS является разнородность выборки, поскольку метод чувствителен к наличию большого количества родственных образцов. Коллекция персиков Никитского Ботанического Сада составляет более 3 тысяч форм и сортов. В 2021 году был проведен анализ выборки, состоявшей из 85 сортов и форм персиков из коллекции Никитского Ботанического сада, с помощью SSR маркеров. Исследованное генетическое разнообразие показало ее разнородность. Выборка была расширена до 200 сортов для дальнейшего исследования методом GWAS, данные генотипирования для которого планируется получить с помощью анализа GBS (генотипирование путем секвенирования, genotyping-by-sequencing) при использовании пары эндонуклеаз рестрикции MspI/PstI. Создание подходящей выборки позволит с помощью GWAS выявлять локусы к сразу нескольким хозяйственно-ценным признакам. Данный этап сокращает время и делает процесс селекции более динамичным.

*Ключевые слова: Prunus persica, ДНК-маркер, GWAS*

---

## SEARCH FOR DNA MARKERS ASSOCIATED WITH ECONOMICALLY DESIRE TRAITS.

**Rozanova Irina<sup>1,2</sup>, Smykov Anatoly<sup>2,3</sup>, Mesyats Natalia<sup>3</sup>, Vodiasova Ekaterina<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>All-Russian Research Institute of Plant Industry, Russia, Sankt-Peterburg,

<sup>2</sup>Kurchatov Genomic Centre of the Nikita Botanical Garden – National Scientific Center of RAS, Yalta, Russia.

<sup>3</sup>Nikita Botanical Garden – National Scientific Center of RAS, Yalta, Russia

[i.rozanova@vir.nw.ru](mailto:i.rozanova@vir.nw.ru)

The peach (*Prunus persica* (L)) is one of the most important stone fruits species in world production. According to the UN Food and Agriculture Organization, the area under peach orchards in Russia is 6 thousand hectares, which allows the production of 6619.2 kg/ha of fruit (<http://www.fao.org/faostat/en/#data>). Peach is excellent for use in a diet menu, as it is a nutritious product, but at the same time low in calories. It is also considered a source of valuable substances that, when consumed, can have a positive effect on health. For example, the use of peaches prevents the occurrence of urolithiasis. However, at the moment there is not enough information about which varieties are richer in mineral elements, which are less. World crop production, including in Russia, is focused on a healthy lifestyle and the consumption of products that can provide the necessary set of microelements, so the increased content of healthy substances in fruits is becoming one of the important indicators of the competitiveness of varieties.

At the end of the 20th century, traditional breeding approaches were supplemented by accelerated selection methods based on the analysis of DNA polymorphism. One of these approaches, marker-assisted selection (MAS), is based on the use of DNA markers that are diagnostic for economically desire traits. In order to develop DNA markers capable of accurately predicting the phenotype, it is necessary to preliminarily map the loci that control economically desire traits.

In recent years, to search for associations between the phenotype and genotype, genome-wide association study (GWAS) has been used, which significantly expands the genetic diversity of donors of valuable traits. One of the conditions necessary for conducting GWAS is the heterogeneity of the sample, since the method is sensitive to the presence of a large number of related varieties. The peach collection of the Nikitsky Botanical Garden includes more than 3 thousand accessions. In 2021, a sample of 85 varieties and forms of peach from the collection of the Nikitsky Botanical Garden was analyzed using SSR markers. The studied genetic diversity showed its heterogeneity. The sample was expanded to 200 varieties for further study by GWAS, genotyping data for which is planned to be obtained using GBS analysis (genotyping-by-sequencing) using a pair of MspI/PstI restriction endonucleases. Creating a suitable sample allow using GWAS to identify loci for several economically desire traits at once. This stage reduces time and makes the selection process more dynamic.

*Keywords: Prunus persica, DNA-marker, GWAS.*