

Анализ коллекционного материала свёклы *Beta vulgaris* L. с использованием SSR маркеров

Хахимов М.Б.^{1, 2*}, Смирнова О.Г.^{1, 3}, Салина Е.А.³

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Курчатовский геномный центр ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

* m.hakimov@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: сахарная свёкла; SSR маркеры; генотипирование

Мотивация и цель: Свёкла обыкновенная (*Beta vulgaris* L.) – важная сельскохозяйственная культура, используемая в качестве сырья для масштабного производства сахара, а также для кормов и продуктов питания. Создание ресурса, содержащего информацию по фенотипу и генотипу образцов свёклы, имеет важное значение для выбора исходного материала для скрещиваний и дальнейшего селекционного процесса, направленного для получения заданных целевых показателей. Целью работы было генотипирование коллекции сортообразцов сахарной свёклы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров. В анализ были включены 96 образцов сахарной, кормовой и столовой свёклы из коллекции ВИР, различающиеся по 9 группам признаков.

Методы и алгоритмы: ДНК выделяли с использованием метода СТАВ. ПЦР проводили на аппарате BioRad T100 согласно протоколу. В исследовании было использовано 10 SSR маркеров. Фрагментарный анализ проведен на аппарате Нанофор-05. Для визуализации результатов использовали Peak Scanner Software v1.0. Филогенетическое древо построено программами Phylip и Ugene.

Результаты: Использованные SSR маркеры различались по числу выявляемых аллелей в изучаемой коллекции свёклы. Максимальное число аллелей (12) было обнаружено у сортообразцов свёклы при использовании маркеров Unigenel1965 и 15403, а минимальное число (4) – при использовании маркера Unigenel0114. Суммарно для построения филогенетического древа было привлечено 72 аллеля, выявленных при SSR анализе с 10 маркерами. Согласно построенному филогенетическому древу сортообразцы свёклы входят в состав девяти ветвей и пятнадцати групп. Единственный в изучаемой коллекции образец из Китая (в каталоге ВИР № 1487) с оригинальной окраской листовых пластинок кластеризуется отдельно от остальных образцов. Две ветви (№ 2 и 3) из девяти образованы преимущественно из образцов столовой свёклы, а ветвь № 5 – образцами сахарной свёклы. Остальные ветви представлены сортами из разных разновидностей. Формирование филогенетических групп по генетическим признакам не выявлено, за исключением ветви № 5, которая преимущественно представлена раздельноплодными сортами сахарной свёклы.

Заключение: Используемый набор SSR маркеров позволяет эффективно паспортизовать сорта свёклы. Также не исключается возможность их применения для идентификации односемянных (раздельноплодных) образцов сахарной свёклы, что имеет важное значение при создании гибридов.

Финансирование: Исследование поддержано Курчатовским геномным центром Института цитологии и генетики СО РАН, соглашение № 075-15-2019-1662.