

СОРТ КАК ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОСНОВА СЕЛЕКЦИОННОГО ПРОЦЕССА ФУНДУКА (*CORYLUS PONTICA* С. КОЧ.) В СОВРЕМЕННЫХ УСЛОВИЯХ ЮГА РОССИИ

Цатурян Г. А. , Цатурян Г. А. , Тутберидзе Ц. В. , Кондратенко Е. И. , Симонян Т. А. ,
Конинская Н. Г. , Шхалахова Р. М. , Зубачева Е. , Сергеева Я.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Федеральный исследовательский
центр «Субтропический научный центр Российской академии наук»
grisha.tsaturyan@yandex.ru

Улучшение качества жизни россиян неразрывно связано с увеличением производства высококачественных продуктов питания. Одной из распространенных культур в сельскохозяйственной отрасли является фундук (*Corylus pontica* С. Koch.). Продукция ореха фундука пользуется неограниченным спросом у населения и является незаменимым сырьем для кондитерской промышленности. Изучение культуры фундука остается актуальным в интенсификации садоводства, что позволило в Субтропическом научном центре Российской академии наук (ФИЦ СНЦ РАН) подобрать лучшие его сорта. Урожайность новых сортов значительно превосходит распространенный сорт Черкесский-2, а качество плодов не уступает по содержанию жира и белка. Новые сорта обладают полигенной устойчивостью и толерантностью к основным биотическим и абиотическим стресс-факторам.

Регионы Северного Кавказа (Адыгея, Кабардино-Балкария, Дагестан), а также зарубежные страны (Иран, Сербия, Абхазия) ведут посадки фундука с внедрением сортов и технологий, разработанных в ФИЦ СНЦ РАН более чем на 1500 га.

Для создания молекулярно-генетической базы селекционного процесса фундука были определены генетические дистанции его перспективных сортов. Исследовались 7 («Шедевр 2», «Бомба», «Кировградская», «Барселонский», «Варшавский», «Ламберта Краснолиственный», «Косфорд») сортов фундука из коллекции ФИЦ СНЦ РАН. ДНК выделяли по протоколу СТАВ (Doyle, 1990) с модификациями. Качество полученной ДНК проверяли электрофорезом в 1% агарозном геле, концентрацию ДНК определяли на BioDrop μ Lite (Biodrop, Cambridge, UK). Рабочую концентрацию доводили до 150 нг/мкл. Для исследования применяли набор из 30 SSR маркеров. Реакционная смесь для ПЦР состояла из 10 мкл 2х реакционного буфера HS – TaqPCR, содержащего Hot Start Taq – полимеразу; 0,4 мкл праймера; 3,3 мкл 6х буфера для нанесения; 1 мкл ДНК (150 нг/мкл) и обработанной DEPC воды в общем объеме ПЦР 20 мкл. С применением термоциклера MiniAmp (Thermo Fisher Scientific, США) провели амплификацию фрагментов ДНК при следующих условиях: первичная денатурация 5 мин при 95 °С, отжиг 35 циклов денатурация при 95 °С в течение 1 мин, отжиг при 50 °С в течение 1 мин, элонгация при 72 °С в течение 2 мин и финальная элонгация при 72 °С в течение 5 мин. Полученные ПЦР-продукты разделяли в 2% агарозном геле в течение 2 ч при напряжении 90 В в 1х ТАЕ буфере. Анализ результатов представили в виде бинарной матрицы (1/0). Анализ генетических дистанций провели с помощью GeneAlex ver. 6.5 (Peakall, Smouse, 2006; Peakall, Smouse, 2012).

По результатам РСoA анализа на основе SSR-маркеров определены генетические дистанции 7-ми сортов фундука. Исследуемые образцы разделились на 2 генетически отдаленных кластера. В первый кластер сгруппировались генетически более близкие сорта «Варшавский», «Кировградская», «Барселонский». Во второй кластер сгруппировались сорта «Ламберта Краснолиственный» и «Шедевр 2». Однако сорта «Косфорд» и «Бомба» показали различия и располагались отдельно от других образцов, что свидетельствует о возможных генетических примесях в генотипах данных сортов. В дальнейшем планируется провести более масштабный анализ с полной выборкой коллекции фундука ФИЦ СНЦ РАН.

Работа подготовлена в рамках реализации ГЗ ФИЦ СНЦ РАН FGRW-2024-0005, регистрационный номер «1022040700995-7-1.6.4».

VARIETY AS A GENETIC BASIS FOR THE SELECTION PROCESS OF HAZELNUT (CORYLUS PONTICA C. KOCH.) IN MODERN CONDITIONS OF THE SOUTH OF RUSSIA

Tsaturyan G. A. , Tsaturyan G. A. , Tutberidze T. V. , Kondratenko E. I. , Simonyan T. A. , Koninskaya N. G. , Shkhalakhova R. M. , Zubacheva E. , Sergeeva Y.

*Federal Research Centre the Subtropical Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences
grisha.tsaturyan@yandex.ru*

Improving the quality of life of Russians is inextricably linked with increasing the production of high-quality food products. One of the common crops in the agricultural sector is hazelnut (*Corylus pontica* C. Koch.). Hazelnut products are in unlimited demand among the population and are an indispensable raw material for the confectionery industry. The study of hazelnut culture remains relevant in the intensification of horticulture, which allowed the Subtropical Scientific Center of the Russian Academy of Sciences (SSC RAS) to select its best varieties. The yield of new varieties significantly exceeds the common Cherkessky-2 variety, and the quality of the fruit is not inferior in fat and protein content. New varieties have polygenic resistance and tolerance to the main biotic and abiotic stress factors. The regions of the North Caucasus (Adygea, Kabardino- Balkaria, Dagestan), as well as foreign countries (Iran, Serbia, Abkhazia) are planting hazelnuts with the introduction of varieties and technologies developed in the FRC SRC RAS on more than 1500 hectares. To create a molecular genetic base for the hazelnut breeding process, genetic distances of its promising varieties were determined. Seven (Shedevr 2, Bomba, Kirovgradskaya, Barselsky, Varshavsky, Lambert Krasnolistny, Kosford) hazelnut varieties from the collection of the FRC SRC RAS were studied. DNA was isolated according to the CTAB protocol (Doyle, 1990) with modifications. The quality of the obtained DNA was checked by electrophoresis in 1% agarose gel, the DNA concentration was determined on BioDrop μ Lite (Biodrop, Cambridge, UK). The working concentration was adjusted to 150 ng/ μ l. A set of 30 SSR markers was used for the study. The PCR reaction mixture consisted of 10 μ l of 2x HS-TaqPCR reaction buffer containing Hot Start Taq polymerase; 0.4 μ l of primer; 3.3 μ l of 6x loading buffer; 1 μ l of DNA (150 ng/ μ l) and DEPC-treated water in a total PCR volume of 20 μ l. Using a MiniAmp thermal cycler (Thermo Fisher Scientific, USA), DNA fragments were amplified under the following conditions: primary denaturation for 5 min at 95 °C, annealing for 35 cycles of denaturation at 95 °C for 1 min, annealing at 50 °C for 1 min, elongation at 72 °C for 2 min, and final elongation at 72 °C for 5 min. The resulting PCR products were separated in a 2% agarose gel for 2 h at 90 V in 1x TAE buffer. The analysis of the results was presented as a binary matrix (1/0). Genetic distance analysis was performed using GeneAlex ver. 6.5 (Peakall, Smouse, 2006; Peakall, Smouse, 2012). Based on the results of PCoA analysis based on SSR markers, genetic distances of 7 hazelnut varieties were determined. The studied samples were divided into 2 genetically distant clusters. The first cluster included genetically closer varieties "Varshavsky", "Kirovgradskaya", "Barcelona". The second cluster included varieties "Lamberta Krasnolistny" and "Shedevr 2". However, the varieties "Cosford" and "Bomba" showed differences and were located separately from other samples, which indicates possible genetic admixtures in the genotypes of these varieties. In the future, it is planned to conduct a larger-scale analysis with a full sample of the hazelnut collection of the FRC SRC RAS. The work was prepared as part of the implementation of the State Task Force FGRW-2024-0005, registration number «1022040700995-7-1.6.4».