

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ПАСПОРТИЗАЦИИ КОЛЛЕКЦИИ ДРЕВЕСНЫХ РАСТЕНИЙ НА ПРИМЕРЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ Р. SYRINGA И RHODODENDRON L.

Криницына А. А., Чурикова О. А.

ФГБОУ высшего образования «Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова»
ankrina@gmail.com

Одним из важнейших источников адаптивно значимых и хозяйственно ценных признаков являются коллекции видов, форм и сортов живых растений *in vivo* и *in vitro*. Сохранение существующего генофонда растений необходимо, например, из-за того, что меняющиеся условия окружающей среды и возникновение ряда биотических и абиотических стрессовых факторов, обусловленные хозяйственной деятельностью человека, оказывают существенное влияние на генотип и метаболизм сортов, что приводит к их "старению" и перерождению, а также непосредственной гибели культур. Для контроля процесса включения нового образца в коллекцию во избежание предотвращения дублирования, а также для прослеживания генетического единообразия получаемых клонов, анализа родства сохраняемых генотипов, установления внутривидовых связей активно используются молекулярно-генетические методы, при помощи которых создаются молекулярно-генетические паспорта коллекционных образцов. При необходимости с использованием методов молекулярного баркодинга проводят дополнительную верификацию систематической принадлежности того или иного растения, уточняют происхождение той или иной гибридной формы.

Для паспортизации сортовых коллекций, в том числе и высокодекоративных древесных культур, применяют различные техники маркирования геномов, основанные на полимеразной цепной реакции (ПЦР), такие как RAPD, AFLP, SSRs, ISSR и др. Как правило, используют несколько типов маркерных участков, комбинируя их в различных сочетаниях, дающих наилучшие результаты в зависимости от культуры. До сих пор остается актуальным оценка применимости новых вариантов маркерных участков как самостоятельно, так и в сочетании с уже проверенными. Например, для создания молекулярно-генетических паспортов сортов сирени в сирингариях используют комбинацию RAPD и ISSR праймеров. Нами была показана возможность использования системы SRAP-маркеров, которая ранее хорошо себя зарекомендовала при работе с представителями сортов сем. *Rosaceae*, *Peoniaceae*, *Oleaceae*. При оценке молекулярных профилей 12 сортов сирени из различных садовых групп, полученных с использованием семи комбинаций прямых и обратных SRAP-праймеров было выявлено пять пар, использование которых позволяет уверенно разделить исследованные сорта сирени обыкновенной. Эти же праймеры оказались пригодными для прослеживаемости генетической идентичности получаемых в процессе микроклонального размножения растений-регенерантов сирени.

При прослеживаемости генетической однородности в процессе клонального микроразмножения особое внимание необходимо уделять группам, для которых характерно наличие большого количества естественных гибридных форм. Примером может служить род *Rhododendron* L., систематика которого сложна и до сих пор окончательно не разработана, а в природе среди чистых видов встречается большое количество естественных гибридов. Для многих высокодекоративных форм нет данных о том, как именно они сформировались. Так, для одного такого гибридного рододендрона из коллекции ГБС с неясным происхождением была показана возможность использования ISSR, RAPD и SRAP маркеров для оценки идентичности растений, полученных в стерильной культуре и исходной формы.

Работа выполнена в рамках ГЗ МГУ имени М.В. Ломоносова №121032500082-2

THE USAGE OF MOLECULAR MARKERS TO CERTIFY A COLLECTION OF WOODY PLANTS ON THE EXAMPLE OF GENERA *SYRINGA* AND *RHODODENDRON* L. REPRESENTATIVES.

Krinitina A. A. , Churikova O. A.

Lomonosov Moscow State University
ankrina@gmail.com

One of the most important sources of adaptively significant and economically valuable traits are collections of species, forms and varieties of living plants *in vivo* and *in vitro*. Preservation of the existing gene pool of plants is necessary, for example, due to the fact that changing environmental conditions and the emergence of a number of biotic and abiotic stress factors caused by human economic activity have a significant impact on the genotype and metabolism of varieties, which leads to their "aging" and degeneration, and to the direct death of crops at least. To control the process of including a new sample in a collection in order to avoid duplication, to track the genetic uniformity of the resulting clones, analyze the relationship of the preserved genotypes, and establish intraspecific relationships as well as, molecular genetic methods are actively used, with the help of which molecular genetic passports of collection samples are created. If necessary, with using molecular barcoding methods additional verification of the systematic affiliation of a particular plant is carried out, and the origin of a particular hybrid form is clarified.

For the certification of varietal collections, including highly decorative woody crops, various genome marking techniques based on the polymerase chain reaction (PCR) are used, such as RAPD, AFLP, SSRs, ISSR, etc. As a rule, several types of marker sites are used. Combining them in various combinations gives the best results depending on the crop. It is still relevant to assess the applicability of new variants of marker sites both independently and in combination with those already tested. For example, a combination of RAPD and ISSR primers is used to create molecular genetic passports of lilac varieties in syringaria. We have shown the possibility of using the SRAP marker system, which has previously proven itself well when working with representatives of varieties of *Rosaceae*, *Peoniaceae* and *Oleaceae* families. When evaluating the molecular profiles of 12 lilac varieties from different garden groups obtained using seven combinations of forward and reverse SRAP primers, five pairs were identified, the use of which allows us to confidently separate the studied varieties of common lilac. The same primers turned out to be suitable for tracing the genetic identity of lilac regenerated plants obtained during microclonal propagation. When tracing genetic homogeneity in the process of clonal micropropagation, special attention should be paid to groups that are characterized by the presence of a large number of natural hybrid forms. An example is the genus *Rhododendron* L., the taxonomy of which is complex and has not yet been fully developed. In nature, there are a large number of natural hybrids among pure species. For many highly decorative forms, there is no data on how exactly they were formed. Thus, for one such hybrid rhododendron from the MBG of RAS collection with unclear origin, the possibility of using ISSR, RAPD and SRAP markers to assess the identity of plants obtained in sterile culture and the original form was demonstrated.

This work was carried out in accordance to Government order for the Lomonosov Moscow State University (project No.121032500082-2).