

Разработка набора SSR-маркеров для сортовой идентификации сои

М.В. Климущина*, М.А. Самарина, Д.С. Ульянов, А.С. Ермолаев, П.Ю. Крупин, Г.И. Карлов, М.Г. Дивашук

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва, Россия

* mklimushina@gmail.com

Цель: Соя (*Glycine max*) является ценной сельскохозяйственной культурой, широко используемой в различных отраслях производства. Разработка новых адаптивных сортов сои обуславливает необходимость строгого контроля качества и подлинности семенного материала, а также анализа существующих сортов [1, 2]. Поддержание сортовой чистоты этой стратегически важной культуры остается одной из приоритетных задач современного семеноводства. Однако морфологических признаков зачастую оказывается недостаточно для надежной оценки отличимости, однородности и стабильности сортов. Решением данной проблемы может служить создание паспортов на основе полиморфизма микросателлитных локусов (SSR), который дает возможность не только достоверно дифференцировать сорта в ходе семеноводства, но и при селекции подбирать наиболее генетически удаленные родительские формы с целью получения высокоэффективных гибридов [3]. Формирование базы генетических профилей сортов также позволяет оценить и внутрисортное разнообразие (биотипы), обеспечивающее адаптивность культуры.

Материалы и методы: Выделение ДНК проводили с помощью станции для автоматического выделения нуклеиновых кислот Auto-Pure 96 (Allsheng, Китай) набором «МагноПрайм ГМО» (Интерлабсервис, Россия) согласно протоколу производителя. ПЦР-амплификацию осуществляли по одному для всех пар праймеров режиму в стандартной ПЦР-смеси (Mg^{2+} 2.5мМ, dNTP 0.25мМ, с добавлением 80мг BSA). Продукты амплификации визуализировали методом капиллярного электрофореза с помощью генетического анализатора Нанофор05 (ИАП, Синтол, Россия).

Результаты: В результате проведенного исследования была разработана оптимальная методика для сортовой идентификации, позволяющая получить информацию о биотипном составе сортов. В ходе биоинформатического и экспериментальной работы был сформирован минимальный дискриминирующий набор из 15 SSR-маркеров, который позволил однозначно дискриминировать сорта, анализируемых коллекций. Отобранные маркеры прошли проверку чувствительности к примесям, показали высокую специфичность амплификации и были объединены в смеси праймеров для использования в мультиплексной ПЦР. По данным, полученным при анализе коллекции, состоящей из 40 сортов и линий сои, для каждого локуса были рассчитаны основные характеристики результативности и информативности (Na (3–8), Ne (2–4,7, в среднем 2,9 на локус), PIC (0,45–0,8, в среднем 0,63)), которые также подтвердили хороший уровень работы подобранного набора маркеров.

Выводы: Разработанный набор маркеров может быть использован для идентификации сортов сои на разных этапах селекционного процесса, что позволит значительно сократить время и качественно улучшить процесс получения новых сортов.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, государственное задание FGUM-2023-0005.

Список литературы

- 1 Пашенко И.А., Самелик Е.Г. Генетическая паспортизация сортов сои на основе микросателлитных маркеров. В: Научное обеспечение агропромышленного комплекса. Краснодар, 2022;140-143
- 2 Савиченко В.Г., Рамазанова С.А., Гучетль С.З. Поиск информативных SSR-маркеров для паспортизации сортов сои. *Масличные культуры*. 2024;2:10-15
- 3 Рамазанова С., Коломыцева А. Оптимизация технологии генотипирования сои на основе анализа полиморфизма SSR-локусов ДНК. *Масличные культуры*. 2020;1:42-48