

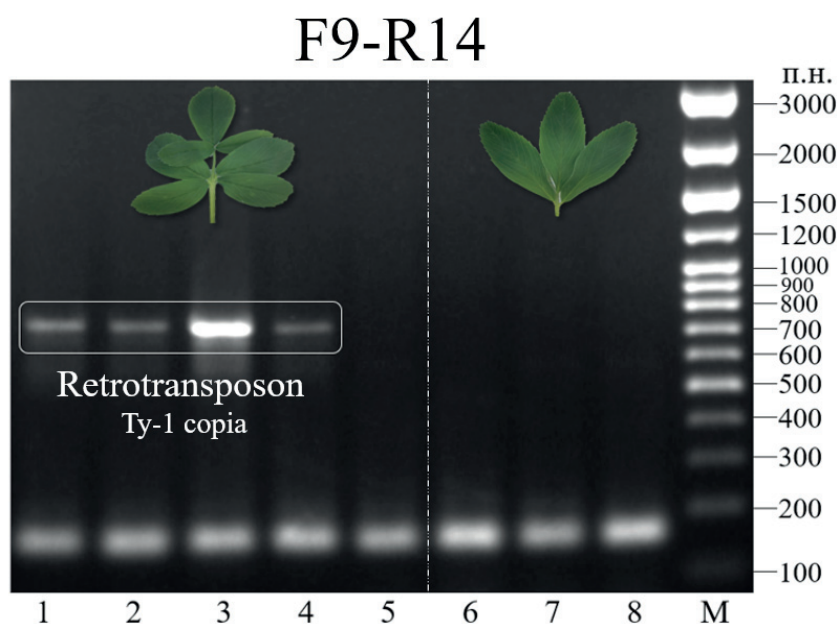
Поиск и идентификация ДНК-маркеров, ассоциированных с признаком многолисточковости у люцерны изменчивой (*Medicago varia* Mart) с использованием SRAP-анализа

В.А. Душкин*, А.О. Шамустакимова

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии им. В.Р. Вильямса» (ФНЦ «ВИК им. В.Р. Вильямса»), Лобня, Россия

* tan-8090@mail.ru

Люцерна – многолетняя бобовая культура, отличающаяся высокой питательной ценностью. В ее составе содержится значительное количество белка (15–20% от сухой массы), витаминов, а также минеральных веществ. Она широко используется для производства таких кормов, как сено, сенаж, силос и травяная мука. В последние годы повышенное внимание исследователей привлекают многолисточковые формы люцерны. В настоящий момент установлено, что на проявление признака у люцерны посевной (*Medicago sativa* L.) могут влиять пять генов: *PALM1*, *KNOX*, *SPL*, *MsNAC39* и *REV*. Изучение этих генов, а также поиск новых механизмов открывает перспективы для селекции высокопродуктивных сортов с улучшенными кормовыми характеристиками и повышенной урожайностью. Цель данного исследования заключалась в поиске ДНК-маркеров, ассоциированных с признаком многолисточковости у перспективного селекционного материала люцерны изменчивой (*Medicago varia* Mart.).



Для анализа была сформирована контрастная коллекция, включающая пять многолисточковых форм и три образца с нормальной формой листа. Генетический анализ проводился с использованием SRAP-маркерной системы (от англ. *Sequence-Related Amplified Polymorphism*), которая позволяет амплифицировать интрон-экзонные области генома и выявлять полиморфизмы генов, связанных с изучаемыми признаками.

С помощью 16 одиночных праймеров была составлена 31 комбинация, из которой две (F9-R14 и ME3-EM3) показали различия между образцами с многолисточковой и нормальной формой листа. С комбинацией F9-R14 у четырех из пяти многолисточковых образцов был выявлен ампликон размером 717 п.н., отсутствующий у растений с нормальной формой листа. С комбинацией ME3-EM3 у всех пяти растений с мутантной формой листа был обнаружен ампликон размером 104 п.н. В дальнейшем отличимые бэнды были вырезаны из геля, очищены и секвенированы. Анализ показал, что все последовательности выравниваются на геном растений семейства бобовые. Для комбинации F9-R14 было выявлено наличие участка копии ретротранспозона, принадлежащего к группе Ty-1-copia LTR, который, по данным GeneBank, ранее был обнаружен в геноме нута (*Cicer arietinum* L.).