



PLANTGEN 2024 PLANT GENETICS, GENOMICS, BIOINFORMATICS AND BIOTECHNOLOGY, Novosibirsk, Russia



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

Хакимов М. Б.*, Смирнова О. Г., Салина Е. А.
*m.xakimov@bionet.nsc.ru

Институт цитологии и генетики, СО РАН, Новосибирск
Новосибирский государственный университет, Новосибирск

Курчатовский геномный центр Института Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск, Россия



N* Новосибирский
государственный
университет
***НАСТОЯЩАЯ НАУКА**



Введения

Свёкла обыкновенная (*Beta vulgaris* L.) – важная сельскохозяйственная культура, используемая в качестве сырья для масштабного производства сахара, а также для кормов и для продуктов питания. Для обеспечения устойчивости производства свёклы и продовольственной безопасности важное место отводится генетическому разнообразию культуры. 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.

Цель исследования

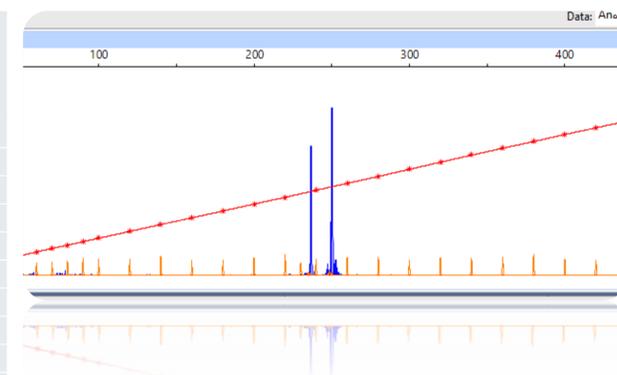
Целью работы было генотипирование коллекции сортообразцов сахарной свёклы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров. В анализ были включены 96 образцов сахарной, кормовой и столовой свёклы из коллекции ВИР, различающиеся по 9 группам признаков.

Материалы и методы

ДНК выделяли с использованием метода СТАВ. Концентрацию ДНК измеряли на приборе Introgen Qubit 3.0 и доводили до 20нг/мкл добавлением ионизированной воды. ПЦР проводили на аппарате BioRad T100 согласно протоколу. В исследовании было использовано 10 SSR маркеров.



SSR локус	Мотив	Размер наблюдаемого продукта	Диапазон наблюдаемого размера продукта	Диапазон наблюдаемого размера продукта в нашем исследовании	Количество ранее обнаруженных аллелей	Количество аллелей в нашем исследовании	Количество растений используемых в ранних исследованиях	Количество растений в нашем исследовании
Unigene11965	(GA)18	144	144–168	113–145	7	12	8	96
Unigene9667	(GA)10	141	158–173	123–141	5	9	8	96
Unigene27374	(AT)11	147	162–172	125–147	4	5	7	96
Unigene10114	(TG)9	284	310–320	286–296	3	4	8	96
Unigen15915	(CA)12	294	314–361	294–338	6	8	8	96
Unigene15403	(TC)12	127	137–155	104–134	5	12	8	96
Unigene11240	(GA)11	239	256–264	220–240	4	8	8	96
Unigene11506	(TC)13	160	180–201	147–161	5	7	7	96
Unigene14118	(AACAA)8	158	165–180	130–154	3	7	8	96
Unigene14805	(TCA)7	270	289–301	252–276	6	7	8	96



После ПЦР продукты были разбавлены в 30 раз и высушены для дальнейшего фрагментарного анализа на аппарате Нанофор-05. При фрагментарном анализе использовали стандарт СД-450. Полученные результаты визуализировали с помощью программы Peak Scanner Software v1.0. Для построения филогенетического дерева использовали программу Phylip и Ugene.

Результаты

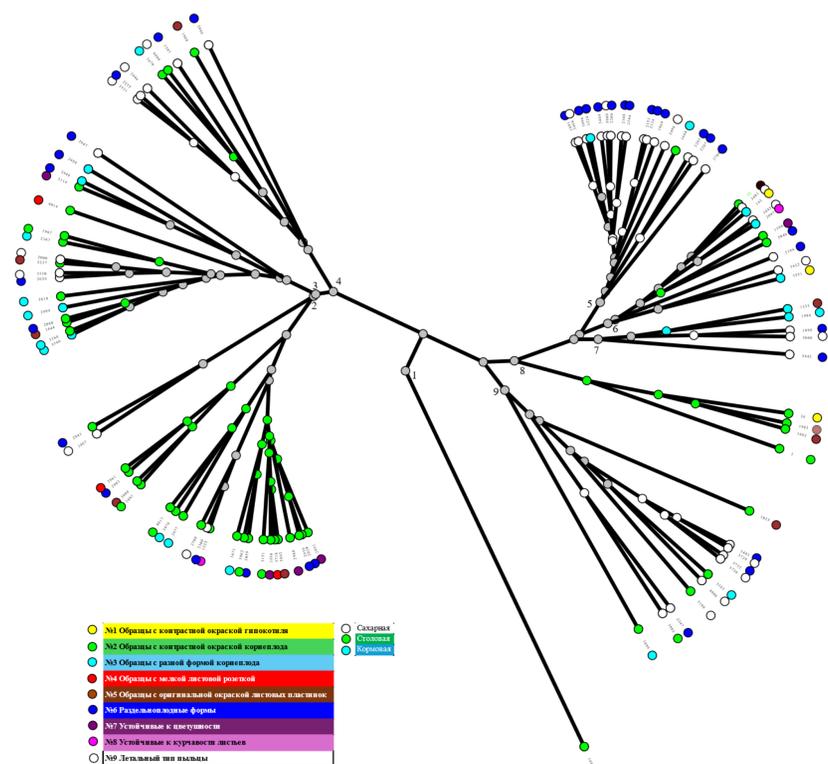
Использованные SSR маркеры различались по числу выявляемых аллелей в изучаемой коллекции свёклы. Максимальное число аллелей (12) было обнаружено у сортообразцов свёклы при использовании маркеров Unigene11965 и 15403, а минимальное число (4) – при использовании маркера Unigene10114. Суммарно для построения филогенетического дерева было привлечено 72 аллеля, выявленных при SSR анализе с 10 маркерами. Согласно построенному филогенетическому дереву сортообразцы свёклы входят в состав девяти ветвей и пятнадцати групп. Единственный в изучаемой коллекции образец из Китая (№ каталога 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 использования для идентификации односемянных (раздельноплодных) образцов сахарной свёклы, что имеет важное значение при создании гибридов.

Благодарности

Исследование поддержано Курчатовским геномным центром Института цитологии и генетики СО РАН (соглашение No 075-15-2019-1662)



0.034

