



PLANTGEN 2026

PLANT GENETICS, GENOMICS, BIOINFORMATICS AND BIOTECHNOLOGY

Novosibirsk, Russia



Разнообразие VNTR-локусов мтДНК свеклы (*Beta vulgaris* L.): филогеографические паттерны и выявление редкого митотипа

Хакимов М. Б.*, Салина Е. А.
*m.hakimov@bionet.nsc.ru

Институт цитологии и генетики, СО РАН, Новосибирск



Введение

Митохондриальный геном растений характеризуется высокой вариабельностью, в том числе наличием tandemных повторов с переменным числом копий (VNTR). Впервые минисателлитные VNTR-локусы (TR1–TR4) в мтДНК *Beta vulgaris* L. были описаны в работах Nishizawa с соавторами [1]. Впоследствии было показано, что эти локусы ассоциированы с цитоплазматической мужской стерильностью (ЦМС) и могут использоваться для типирования цитоплазм [2, 3], а также для изучения генетической структуры и потоков генов между культурными и дикими формами в комплексе *B. vulgaris* [4]. Однако систематических данных об изменчивости этих маркеров в обширной выборке культурной свёклы различного географического происхождения и хозяйственного назначения до настоящего времени недостаточно.

Материалы и методы

Исследована выборка из 96 образцов *B. vulgaris* subsp. *vulgaris*, разделённых на 11 популяций по географическому происхождению (Россия, Европа, Азия, Северная Африка, Северная Америка) и типу культуры (столовая, сахарная, кормовая). Проведён ПЦР-анализ четырёх VNTR-локусов мтДНК (TR1–TR4) с использованием специфических праймеров [1]. Верификацию результатов ПЦР выполняли методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе «Нанофор-05» (Россия). Обработку электрофореграмм проводили с использованием программного обеспечения Peak Scanner™ Software v 1.0 (Applied Biosystems). Для четырёх ландрасов из Франции и Грузии, у которых по данным фрагментного анализа предполагалось наличие 6-кратного повтора в локусе TR2, выполнено прямое секвенирование по Сэнгеру на базе Центра коллективного пользования «Геномика» Института химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН (Новосибирск). Статистическую обработку выполняли в пакете GenAlEx 6.5 [5]: рассчитывали частоты аллелей, число аллелей (N_a), эффективное число аллелей (N_e), ожидаемую гетерозиготность (H_e), индекс Шеннона (H), а также показатели дифференциации — F_{st} и попарные генетические расстояния Нея.

Результаты

Установлен высокий уровень полиморфизма VNTR-локусов. Наибольшее аллельное разнообразие выявлено для локуса TR1 (13 аллелей), что согласуется с литературными данными о его высокой информативности. TR2 оказался наименее вариабельным (2 аллеля), что характерно для этого локуса [1, 6]. Однако прямое секвенирование четырёх ландрасов из Франции и Грузии подтвердило наличие 6-кратного повтора (вместо обычного 3-кратного) в локусе TR2. Ранее аналогичный вариант был описан у французского образца 'Rouge Craudine' (BETA 1901) в исследовании Cheng et al. (2011) [8]. Наши данные расширяют географию этого редкого митотипа, впервые выявляя его у грузинского ландраса и подтверждая у французских образцов. Максимальные показатели внутрипопуляционного разнообразия зафиксированы у европейских популяций ($N_a = 4.0–4.5$, $H_e = 0.45–0.47$), что может отражать длительную историю культивирования и селекции в этом регионе. Напротив, африканская выборка характеризовалась крайне низким разнообразием ($N_a = 1.25$, $H_e = 0.125$), что указывает на её возможную реликтовую природу или эффект «бутылочного горлышка». Общий уровень генетической дифференциации ($F_{st} = 0.17$) свидетельствует об умеренной структурированности. Наибольший вклад в дифференциацию вносят локусы TR1 ($F_{st} = 0.258$) и TR3 ($F_{st} = 0.286$). Попарные генетические расстояния Нея выявили тесное родство российских и европейских образцов ($D = 0.041–0.057$), что согласуется с историческими данными о происхождении сахарной свёклы от ограниченного числа европейских кормовых сортов [7]. Африканская популяция оказалась наиболее обособленной (D с другими популяциями достигал 0.43–0.56). В европейских популяциях идентифицированы уникальные аллели (в TR1 — 617, в TR2 — 454, в TR4 — 279 и 303), что может быть связано с интрогрессией от диких родственников или с локальной селекцией.

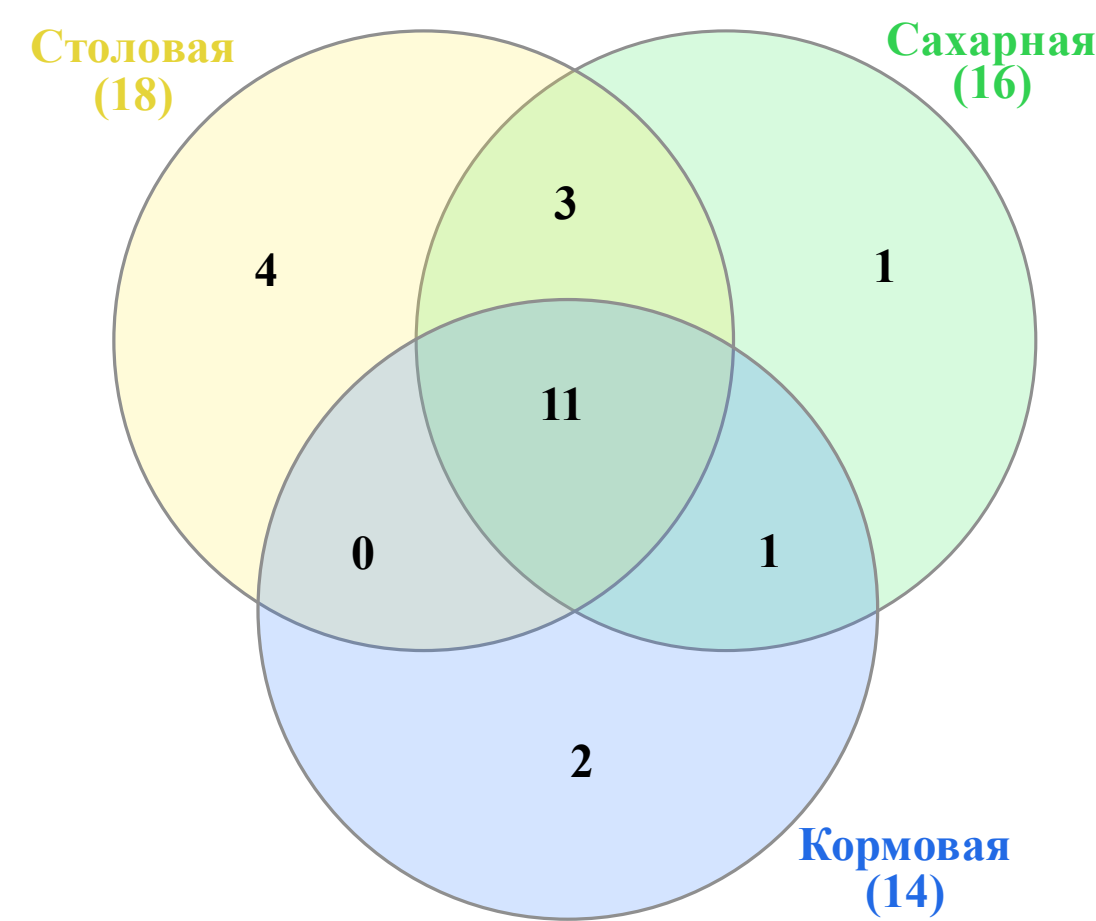
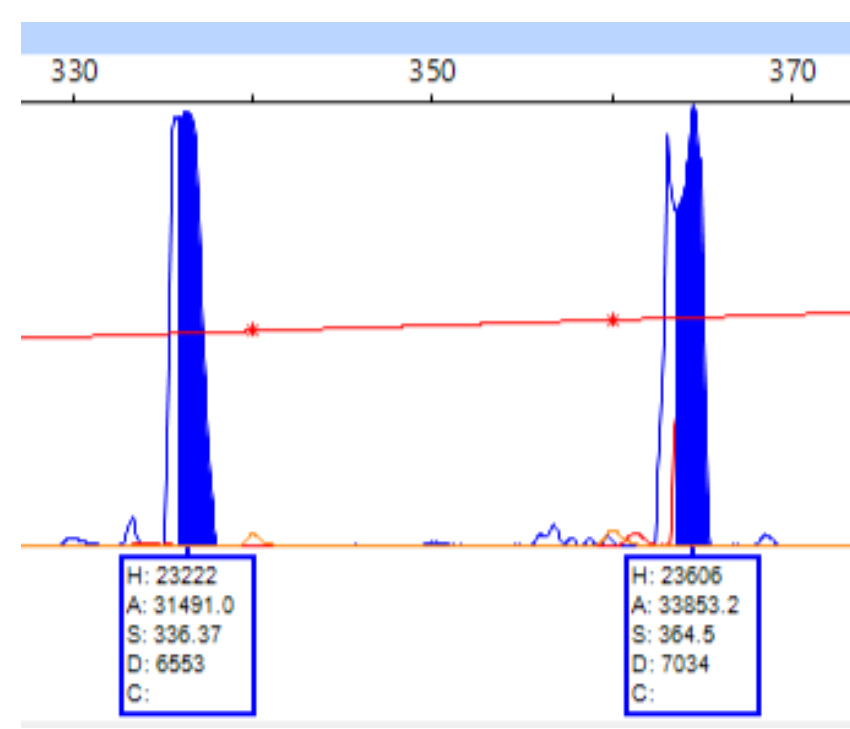
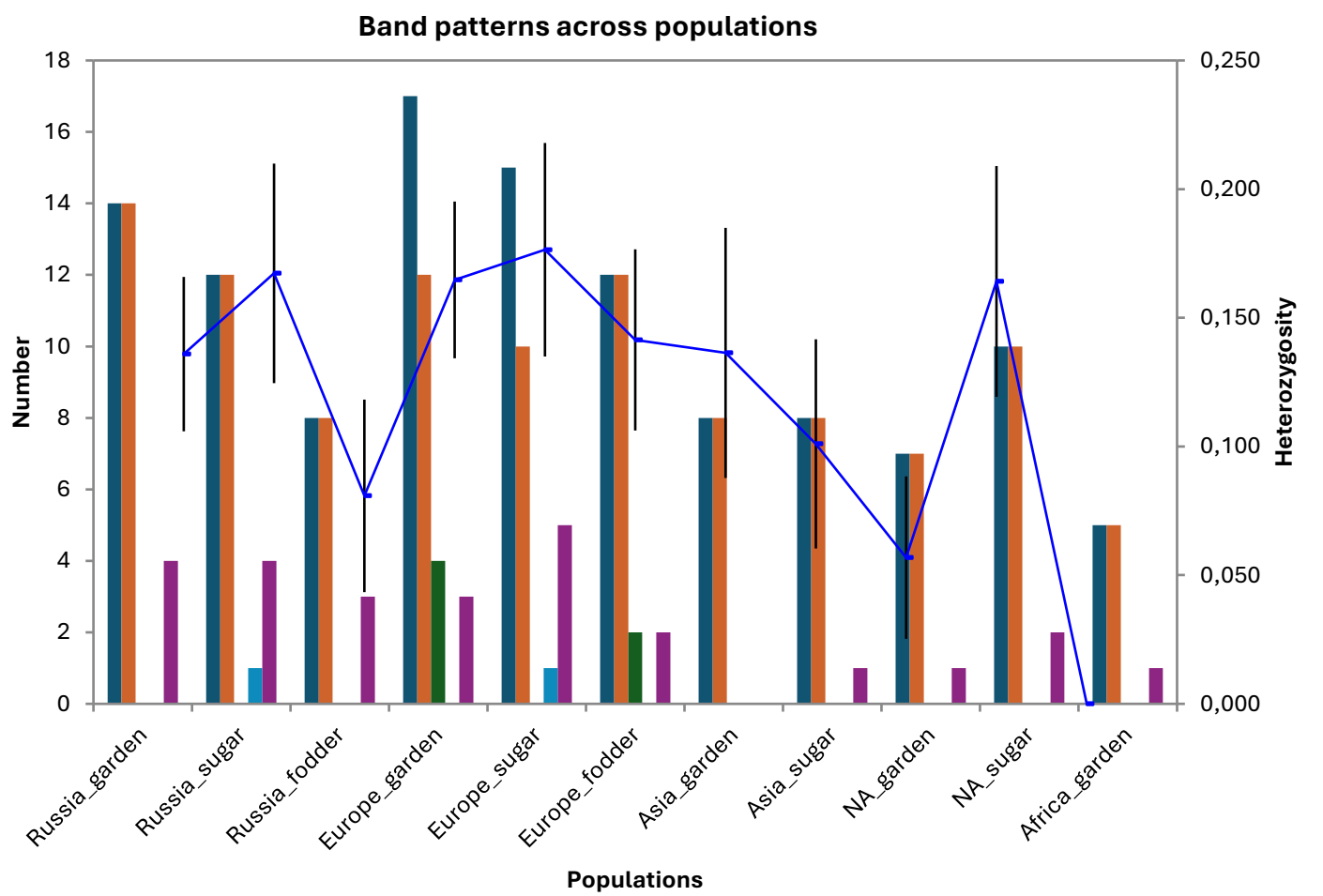


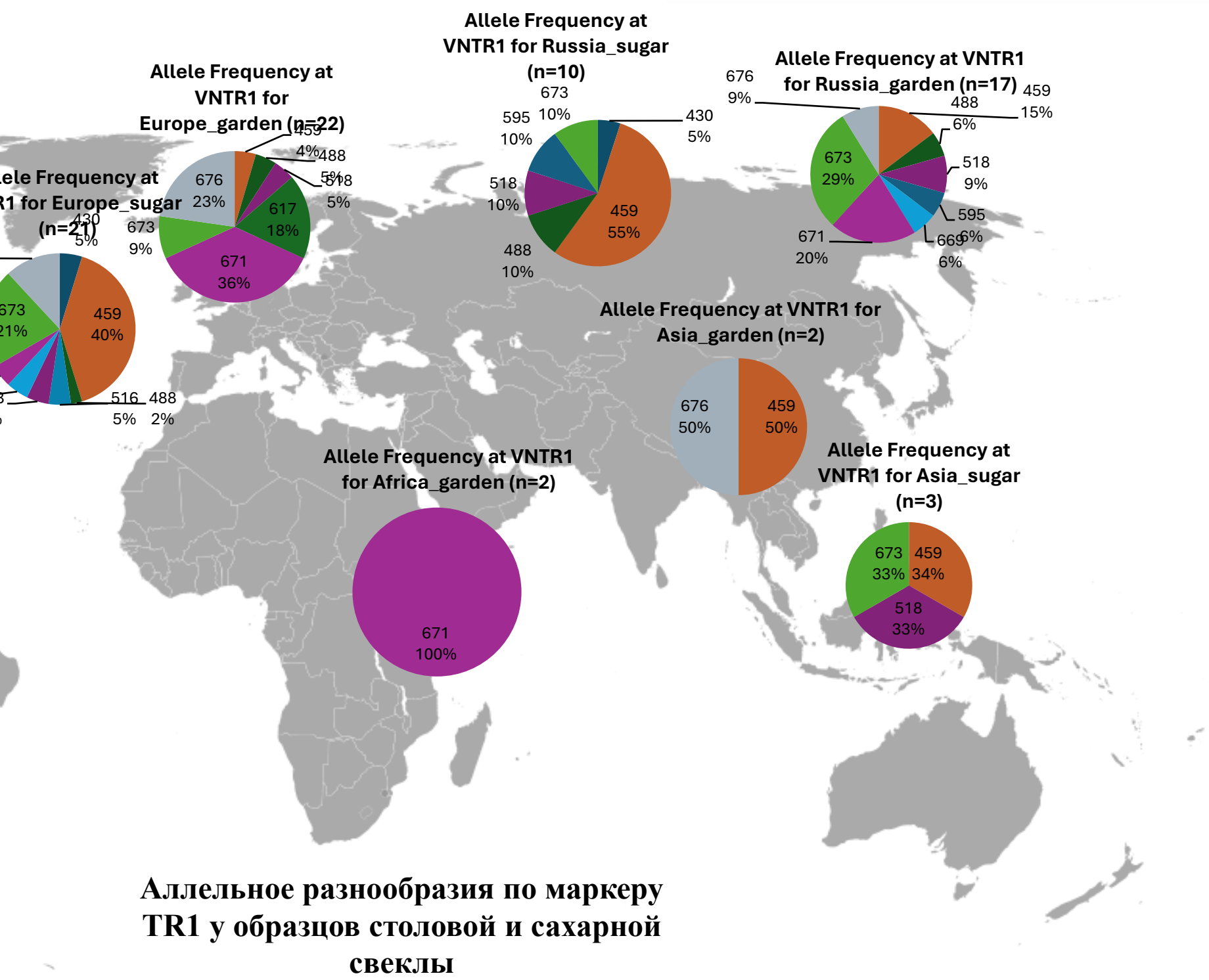
Диаграмма Венна, отражающая распределение общих и уникальных аллельных вариантов VNTR-маркеров между тремя разновидностями свеклы (*Beta vulgaris* L.) (в скобках указано общее число выявленных аллелей для каждой группы)



Регистрация двойных пиков на программе Peak Scanner при использовании маркера TR4

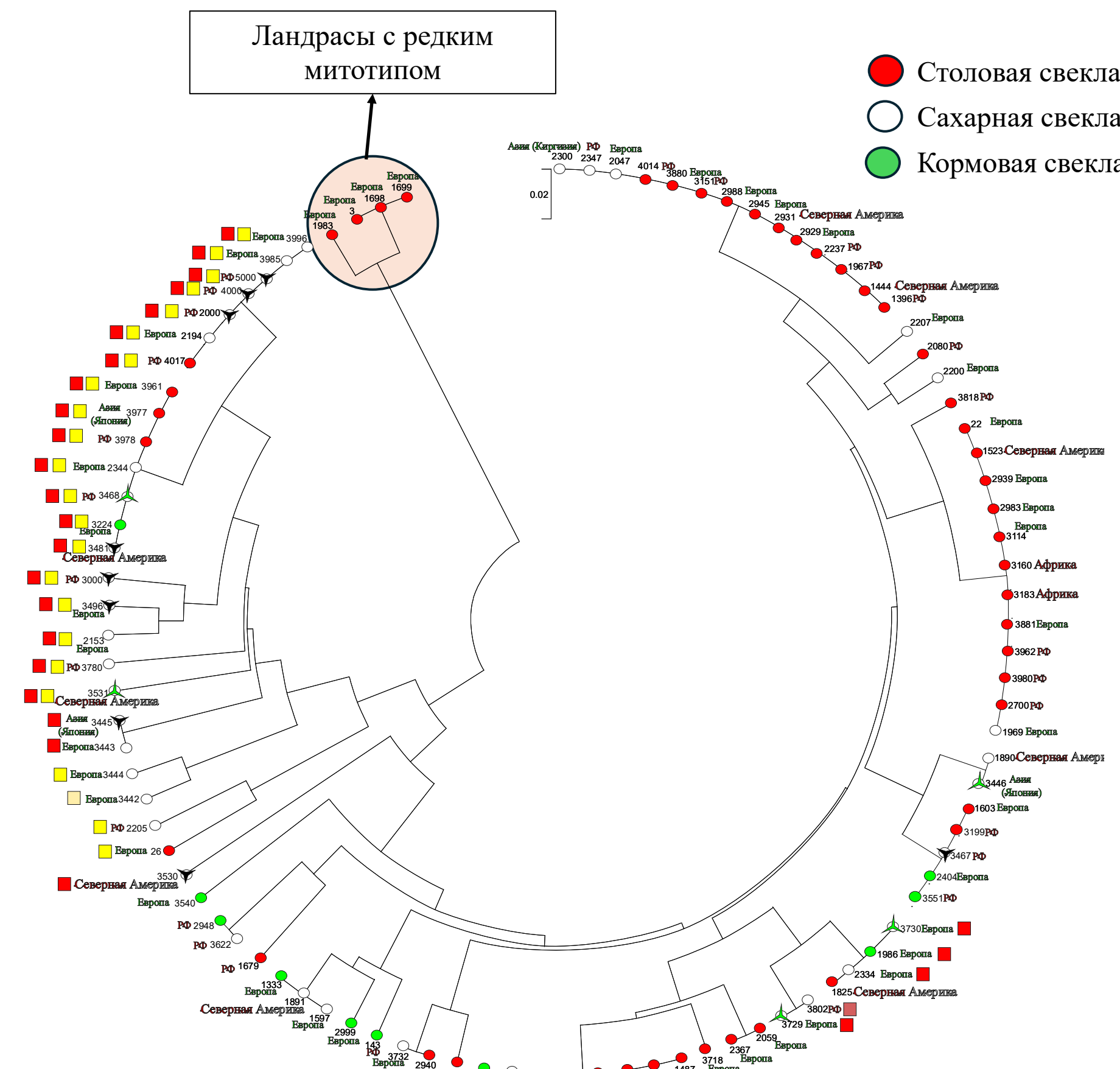


Паттерны распределения полос для бинарных (гаплоидных) данных



Аллельное разнообразие по маркеру TR1 у образцов столовой и сахарной свеклы

- Сахарная свекла
- Столовая свекла
- Кормовая свекла
- Стерильный по маркеру TR3
- Стерильный по маркеру TR1
- ▼ ЦМС по каталогу ВИР
- ▲ О-тип по каталогу ВИР



Филограмма построенная на программе MEGA12 по методу UPGMA

Обсуждение

Полученные данные вписываются в современную концепцию эволюции *B. vulgaris*, согласно которой культурные формы прошли через узкое «бутылочное горлышко» при доместикации, что привело к снижению ядерного и цитоплазматического разнообразия [4]. Высокий полиморфизм TR1 и TR3 подтверждает их ценность как ДНК-маркеров для селекции, в том числе для скрининга цитоплазматических типов и маркер-ориентированного отбора линий-закрепителей стерильности [2]. Обнаружение 6-кратного повтора в TR2 у европейских ландрасов представляет особый интерес. Ранее подобный вариант был описан только у одного французского образца столовой свёклы ('Rouge Craudine') и ассоциировался с нормальной фертильной цитоплазмой [8]. Наши данные подтверждают наличие этого варианта у французских образцов и впервые выявляют его у грузинского ландраса, что указывает на его более широкое, хотя и редкое, распространение в генетических ресурсах Европы. Это открывает перспективы для изучения возможной связи данного митотипа с адаптивными или фенотипическими особенностями. Обособленность африканской линии требует дальнейшего изучения с привлечением более широкой выборки и, возможно, указывает на древний путь интродукции культуры.

Заключение

Проведённое исследование впервые представляет комплексную оценку полиморфизма четырёх VNTR-локусов мтДНК у свеклы различного происхождения и подтверждает их высокую информативность для анализа генетической структуры и филогеографических связей. Секвенирование TR2 выявило редкий 6-кратный вариант у ландрасов из Франции и Грузии, что расширяет известное разнообразие этого локуса и открывает перспективы для изучения его связи с фенотипическими признаками. Наиболее перспективными для дальнейшего использования в селекционных целях являются локусы TR1 и TR3.

Исследование поддержано бюджетным проектом № FWNR-2026-0029

Список литературы

- Nishizawa, S., Kubo, T., Mikami, T. Variable number of tandem repeat loci in the mitochondrial genomes of beets. *Curr Genet* 37, 34–38 (2000). <https://doi.org/10.1007/s002940050005>
- Taguchi, K., Hiyama, H., Yui-Kurino, R., Muramatsu, A., Mikami, T. and Kubo, T. (2014), Hybrid Breeding Skewed the Allelic Frequencies of Molecular Variants Derived from the Restorer of fertility 1 Locus for Cytoplasmic Male Sterility in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.). *Crop Science*, 54: 1407-1412. <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.11.0731>
- Moritani, M., Taguchi, K., Kitazaki, K. et al. Identification of the predominant nonrestoring allele for Owen-type cytoplasmic male sterility in sugar beet (*Beta vulgaris* L.): development of molecular markers for the maintainer genotype. *Mol Breeding* 32, 91–100 (2013). <https://doi.org/10.1007/s11032-013-9854-8>
- Fénart, S., Arnaud, JF., De Cauwer, I. et al. Nuclear and cytoplasmic genetic diversity in weed beet and sugar beet accessions compared to wild relatives: new insights into the genetic relationships within the *Beta vulgaris* complex species. *Theor Appl Genet* 116, 1063–1077 (2008). <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0735-1>
- Peakall R, Smouse PE. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012 Oct 1;28(19):2537-9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460. Epub 2012 Jul 20. PMID: 22820204; PMCID: PMC3463245.
- Cheng D. et al. Analysis of Cytoplasm Polymorphism on the TR2 Locus of Mitochondria Genome in Leaf Beet Line SK-5 //2nd International Conference on Biomedical and Biological Engineering 2017 (BBE 2017). – Atlantis Press, 2017. – C. 292-296.
- Fischer, H.E. Origin of the 'Weisse Schlesiische Rübe' (white Silesian beet) and resynthesis of sugar beet. *Euphytica* 41, 75–80 (1989). <https://doi.org/10.1007/BF00022414>
- Cheng, D., Yoshida, Y., Kitazaki, K. et al. Mitochondrial genome diversity in *Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris* (Leaf and Garden Beet Groups) and its implications concerning the dissemination of the crop. *Genet Resour Crop Evol* 58, 553–560 (2011). <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9598-9>