УДК 633.63:575.2

Федулова Т.П., доктор биологических наук,
заведующая лабораторией биохимии и молекулярной биологии ФГБНУ «ВНИИСС им. А.Л. Мазлумова» Россия, Воронежская область, Рамонский район, п. ВНИИСС, д.86

ПРИОРИТЕТНЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ В ГЕНЕТИКЕ И СЕЛЕКЦИИ САХАРНОЙ СВЕКЛЫ

Аннотация: *В статье рассматриваются вопросы приоритетных направлений использования молекулярных маркеров в генетике и селекции сахарной свёклы. Приводятся результаты экспериментальных исследований по разработанным в ФГБНУ «ВНИИСС им. А.Л. Мазлумова» методическим рекомендациям по молекулярной селекции сахарной свёклы. Молекулярно-генетическая оценка исходных форм сахарной свёклы по SSR- и RAPD-маркерам проводится, как один из основных этапов работ по маркер-опосредованной селекции.*

Ключевые слова: *сахарная свёкла, молекулярные маркеры, маркер-опосредованная селекция, праймеры, фитопатогены, скрещивания*

Abstract: *The article considers the questions of priority directions of use of molecular markers in genetics and breeding of sugar beet. The results of experimental research developed in the FEDERAL state budgetary institution "VNIIS them. Maslumova A. L." methodic recommendations on molecular breeding of sugar beet. Molecular genetic evaluation of the initial forms of sugar beet on SSR-and RAPD-markers is carried out as one of the main stages of work on marker-mediated selection.*

Key words: *sugar beet, molecular markers, marker-mediated selection, primers, phytopathogens, crossing.*

Ещё в первые десятилетия развития генетики стало ясно, что генетические маркеры могут быть полезными при анализе сложных

признаков. Низкая встречаемость и ряд других недостатков не позволили классическим генетическим маркерам, а в последствии и белковым маркерам широко войти в селекционную практику. Последнее поколение генетических маркеров (молекулярные, или ДНК-маркеры) характеризуется более высокой частотой встречаемости в геноме и основано на универсальных, а значит широко востребованных и постоянно развивающихся методах анализа [1, с.1044]. Это стало залогом бурного развития направлений генетики и селекции, связанных с использованием ДНК-маркеров. Поэтому молекулярные маркеры используются в настоящее время во всех развитых странах в тех направлениях исследований, которые получили приоритетное развитие: • изучение генетической изменчивости популяций, линий и сортов сахарной свеклы по морфологическим, цитологическим, биохимическим и молекулярным маркерам; • создание и использование молекулярных маркеров для изучения генома, пополнения генетических карт хромосом и для характеристики исходных форм, гибридов и сортов, а также установление связи между определенными типами маркеров и хозяйственно-ценными признаками; • селекция на устойчивость сахарной свеклы к вредителям, болезням и абиотическим стрессорам; поиск источников генов устойчивости, картирование генов устойчивости, гибридизация с дикими родственными видами, носителями таких генов, создание устойчивых к биотическим и абиотическим факторам сортов и гибридов методами геномного редактировании; • целенаправленный поиск локальных повреждений в геноме (TILLING) как метод, сочетающий использование индуцированного мутагенеза с молекулярными методами поиска мутаций и обеспечивающий возможность получения множества аллельных вариантов желаемых для селекционера генов; • изучение генетической природы сложных количественных признаков, имеющих особую хозяйственную ценность, и картирование локусов (QTL), контролирующих различные этапы формирования таких признаков, в том числе с использованием

ассоциативного картирования, или картирования неравновесного сцепления, а также изучение особенностей наследования количественных признаков гибридным потомством, полученным при различных системах скрещивания;
• маркер-опосредованная селекция (MAS) с использованием молекулярных маркеров, позволяющих вести селекцию на молекулярном уровне [2, с. 225]. Применительно к сахарной свекле MAS посвящена работа McGrath [3, с. 187-190]. Он считает, что MAS является вспомогательной к классическим методам селекции в отличие от Camerton [4, с.1-3], который видит будущее селекции сахарной свеклы в отборе по генам. Мнения McGrath по этому вопросу поддерживаются Biancardi et al. [5, с. 2-5] и Draycott [6, с. 8-10]. При всей несомненной ценности молекулярных методов они могут обеспечить максимальную эффективность селекции только в совокупности с другими методами отбора и оценки селекционного материала.

Во Всероссийском НИИ сахарной свёклы и сахара имени А. Л. Мазлумова с использованием микросателлитных [7, с. 41-52] и RAPD-маркеров [8, с.88-95] разработаны и используются в селекционном процессе следующие научно-методические приёмы:

• методика идентификации исходных селекционных материалов сахарной свёклы по RAPD-маркерам, позволяющая на основе частоты встречаемости ДНК-ампликонов проводить генотипирование селекционно-ценных сортообразцов и гибридов;

• методика молекулярного отбора родительских форм сахарной свёклы для создания гибридов с повышенной продуктивностью, обеспечивающая возможность быстрого массового скрининга селекционных материалов, повышая эффективность селекции путём выявления генетических дистанций между исходными линиями, рассчитанными на основе структуры ДНК-профилей. Данная методика позволяет быстро отбирать перспективные пары родительских компонентов с максимальными генетическими расстояниями (D=1,73-2,24) для повышения эффективности геторозисной селеции;

• методика выявления трансгрессивных форм сахарной свёклы на основе ДНК-маркеров, позволившая отобрать наиболее информативные SSR-праймеры (Bvv23, Bvv30, Bvv32, Bvv64) и RAPD-локусы (PAWS 5, PAWS 16, PAWS 17) для выявления гетерогенности исходных материалов, определения уровня дивергенции между линиями, подбора пар для скрещиваний в трансгрессивной селекции;

• методика генотипирования трансгенных растений сахарной свёклы с использованием микросателлитных маркеров, позволяющая на основе ДНК-маркеров более точно и надёжно проводить идентификацию ГМ растений, несущих гены mf1 и mf2, контролирующих устойчивость к фитопатогенам;

• методика выявления специфических ДНК-маркеров для молекулярного отбора селекционного материала сахарной свёклы, устойчивого к болезням, позволяющая проводить скрининг исходных материалов на устойчивость к нематоде, ризомании, мучнистой росе. На основе данной методики выделены и отобраны 4 образца сахарной свёклы, несущие ген устойчивости к нематоде (*Hs1*), 6 номеров к ризомании (*Rz1*, *Rz2*) 3 – к мучнистой росе (*Pm 36*). Данные селекционные образцы используются в качестве нового исходного материала при селекции на устойчивость к болезням;

• технология создания гетерозисных гибридов сахарной свёклы на основе молекулярной (MAS) селекции. В результате оценки 17 молекулярных маркеров на пригодность для прогнозировании эффекта гетерозиса было отобрано 5 наиболее перспективных SSR-маркеров (Sb 04, Sb 06, Sb 07, Sb 09, Sb 10). Выявлены индексы сходства для родительских пар, которые варьируют в пределах KJ=0,09-0,89. Процент успешного прогнозирования уровня специфической комбинационной способности (СКС) по минимальным коэффициентам Жаккара составляет 66,6 %. Использование данной технологии позволяет экономить материальные

затраты на создание высоко продуктивных гибридов на 30% (за счёт браковки пар скрещиваний с высокими значениями индексов Жаккара).

В ФГБНУ «ВНИИСС им. А.Л. Мазлумова» характеристика исходных форм для гибридизации по молекулярным маркерам [9, с. 514-524, 10, с. 112-116] проводится, как один из основных этапов работ по маркер-опосредованной селекции.

Таким образом, несмотря на имеющиеся объективные трудности осуществления работ по генетике и селекции сахарной свеклы с использованием молекулярных методов, учеными ФГБНУ «ВНИИСС им. А.Л. Мазлумова» проводятся исследования по всем приоритетным направлениям, получен ряд важных результатов и в перспективе намечено продолжение таких исследований с расширением их тематики. Это возможно при необходимой финансовой поддержке научных работ по данным проблемным направлениям со стороны Российской академии наук и Министерства сельского хозяйства РФ.

Использованные источники

1. Хлёсткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлёсткина // Вавиловский журнал генетики и селекции.- 2013.-С. 1044-1054.

2. Корниенко А.В., Буторина А.К. Генетика и селекция сахарной свеклы (*B. vulgaris* L.) (прошлое, настоящее и будущее). – Воронеж: Изд. Воронежск. ЦНТИ. -2012. -391 с.

3. McGrath J.M. Assisted Breeding in Sugar Beets. Sugar Tech (September and December 2010).- 12 (3-4).- P. 187-193.

4. Camerton J.S. 21-st century sugar beet breeding. Agriculural Research, April, 2004. http://findarticles.com/p/articles/mi_m3741/.

5. Biancardi E., Campbell L.G., Skaracis G.N., De Biaggi M. (ed.) Genetic and Breeding of Sugar Beet. -2005. -Science Publishers, Enfield, NH.- 367 pp.

6. Draycott A.P. Sugar beet . -2006.- Oxford: Blackwell Publishing Ltd. -496 pp.

7. Smulders M., Esselink G., Everaert I., Riek J., Vosman B. Characterization of sugar beet (*Beta vulgaris* L. *ssp. vulgaris)* varieties using microsatellite markers // BMC Genetics.- 2010.- Vol. 11. -P. 41-52.

8. Rogowsky P.M., Manning S., Liu J.-Y. e.a. The R173 family of rye-specific repetitive DNA sequences: a structural analysis. – Genome.- 1991.- 34.- P. 88-95.

9. Федулова Т.П. Идентификация и паспортизация сортов и гибридов сахарной свеклы //Энциклопедия рода Beta (биология, генетика и селекция свеклы): Сб. научн. тр. Ин-т цитологии и генетики РАН, Россия; Ин-т сахарной свеклы, Украина, Новосибирск: изд-во «Сова», 2010. С.514-524.

10. Федулова Т.П., Богачева Н.Н., Федорин Д.Н., Жужжалова Т.П., Богомолов М.А., Ошевнев В.П. ДНК – технологии в селекции сахарной свёклы (*Beta vulgaris L.) //* Вестник Воронежского аграрного университета. Теоретический и научно-практический журнал. Выпуск 2 (37). Воронеж, 2013. С.112-116.