

**Внутри- и межвидовая изменчивость хлоропластного генома у однолетних и многолетних видов подсолнечника (*Helianthus* L.)**

**Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович**

***Хачумов Владимир Артурович***

*Аспирант*

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Дмитрия Иосифовича Ивановского, Кафедра генетики, Ростов-на-Дону, Россия

*E-mail: rost1993ov@gmail.com*

Систематика рода *Helianthus* L. опирается в основном на морфофизиологические методы, однако до сих пор не удалось определить точное количество видов этого рода. Часто для уточнения уже существующей систематики применяют молекулярно-генетические методы изучения мутационной изменчивости хлоропластного генома. Одним из простых и информативных методов определения уровня изменчивости геномов растений является SSR-анализ. Целью исследования является разработка информативных SSR-маркеров хлоропластной ДНК и построение дендрограммы, демонстрирующей генетические дистанции между видами рода *Helianthus* L.

Материалом исследования служили коллекционные образцы ВИР: 10 многолетних видов (*H. decapetalus*, *H. divaricatus*, *H. grosseserratus*, *H. hirsutus*, *H. microcephalus*, *H. occidentalis*, *H. rigidus*, *H. salicifolius*, *H. strumosus*, *H. tuberosus*), 7 однолетних (*H. argophyllus*, *H. bolanderi*, *H. debilis*, *H. neglectus*, *H. praecox*, *H. petiolaris*, включая 15 образцов *H. annuus* с различными номерами интродукции ВИР), а также 16 селекционных линий подсолнечника.

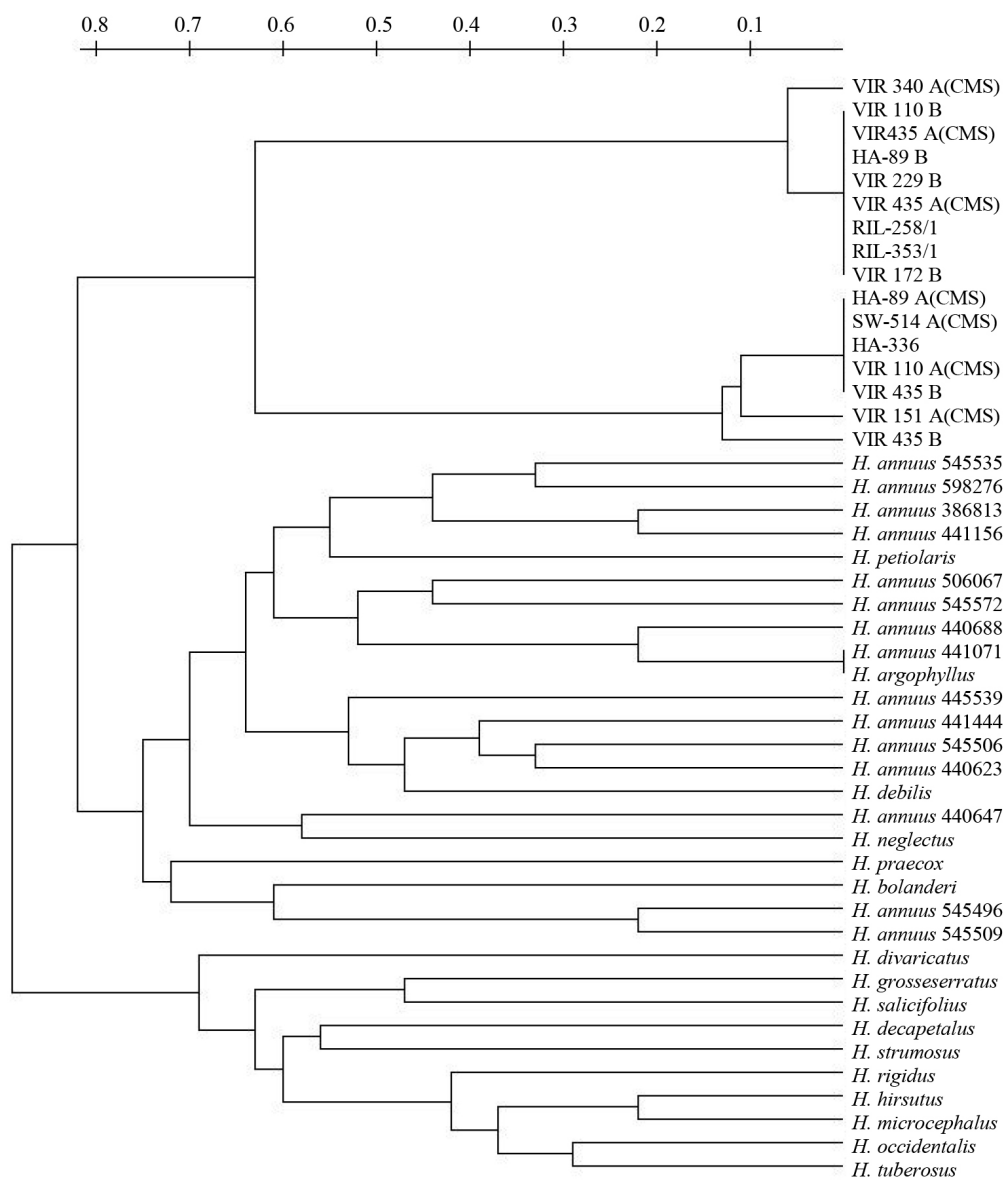
Для оценки изменчивости хлоропластного генома нами были разработаны SSR-маркеры на основании полной нуклеотидной последовательности хлоропластного генома HA383 line (NC\_007977.1) из базы данных NCBI. В результате SSR-анализа хлДНК были отобраны 9 наиболее информативных SSR-маркеров, обладающих высокими значениями PIC (Polymorphism Information Content) от 0,937 до 0,995. Количество детектируемых аллелей колебалось в диапазоне от 3 до 13 и приходилось в среднем на один локус - 7,66. Размеры амплифицированных фрагментов варьировали от 120 до 390 пн.

На основании результатов SSR-анализа хлДНК построена UPGMA-дендрограмма, демонстрирующая генетические дистанции между исследованными образцами подсолнечника (рис. 1). Дендрограмма включает два основных кластера. Первый из них объединяет все исследованные многолетние виды, второй - однолетние, который в свою очередь четко кластеризуется на дикорастущие и культурные формы (селекционные линии).

Таким образом, разработанные нами SSR-маркеры хлоропластного генома с высокими показателями PIC позволили генотипировать не только отдельные виды, но и селекционные линии подсолнечника.

Результаты получены в рамках выполнения государственного задания Минобрнауки России, проект № 6.929.2017/4.6.

**Иллюстрации**



**Рис. 1.** Дендрограмма, построенная на основе SSR-анализа хлДНК, демонстрирующая генетические дистанции между видами рода *Helianthus* L.