

Внутри- и межвидовая изменчивость хлоропластного и митохондриального геномов 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 Иванковского, 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 существующей систематики применяют молекулярно-генетические методы изучения мутационной изменчивости хлоропластного и митохондриального геномов. Одним из простых и информативных методов определения уровня изменчивости геномов растений является SSR-анализ. Целью исследования является разработка информативных SSR-маркеров хлоропластной и митохондриальной 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 и митохондриального геномов нами были разработаны SSR-маркеры на основании полной нуклеотидной последовательности хлоропластного генома НА383 line (NC_007977.1) из базы данных NCBI. В результате SSR-анализа хлДНК были отобраны 18 наиболее информативных SSR-маркеров, обладающих высокими значениями PIC (Polymorphism Information Content) от 0,833 до 0,995. Количество детектируемых аллелей колебалось в диапазоне от 3 до 13 и приходилось в среднем на один локус - 6,5. Размеры амплифицированных фрагментов варьировали от 120 до 464 пн.

На основании результатов SSR-анализа хлДНК и мтДНК 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.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственного задания в области научной деятельности № 0852-2020-0029.

Источники и литература

- 1) Schilling E.E., Heiser E.E. Infrageneric classification of *Helianthus* (Compositae) // *Taxon*. – 1981. – Т. 30, Вып. 2. – С. 393-403.

- 2) Sobanski, J., P. Giavalisco, A. Fischer, J.M. Kreiner and D. Walther et al., Chloroplast competition is controlled by lipid biosynthesis in evening primroses //Proceedings of the National Academy of Sciences. – 2019. – Т. 116. – Вып. 12. – С. 5665-5674.

Иллюстрации

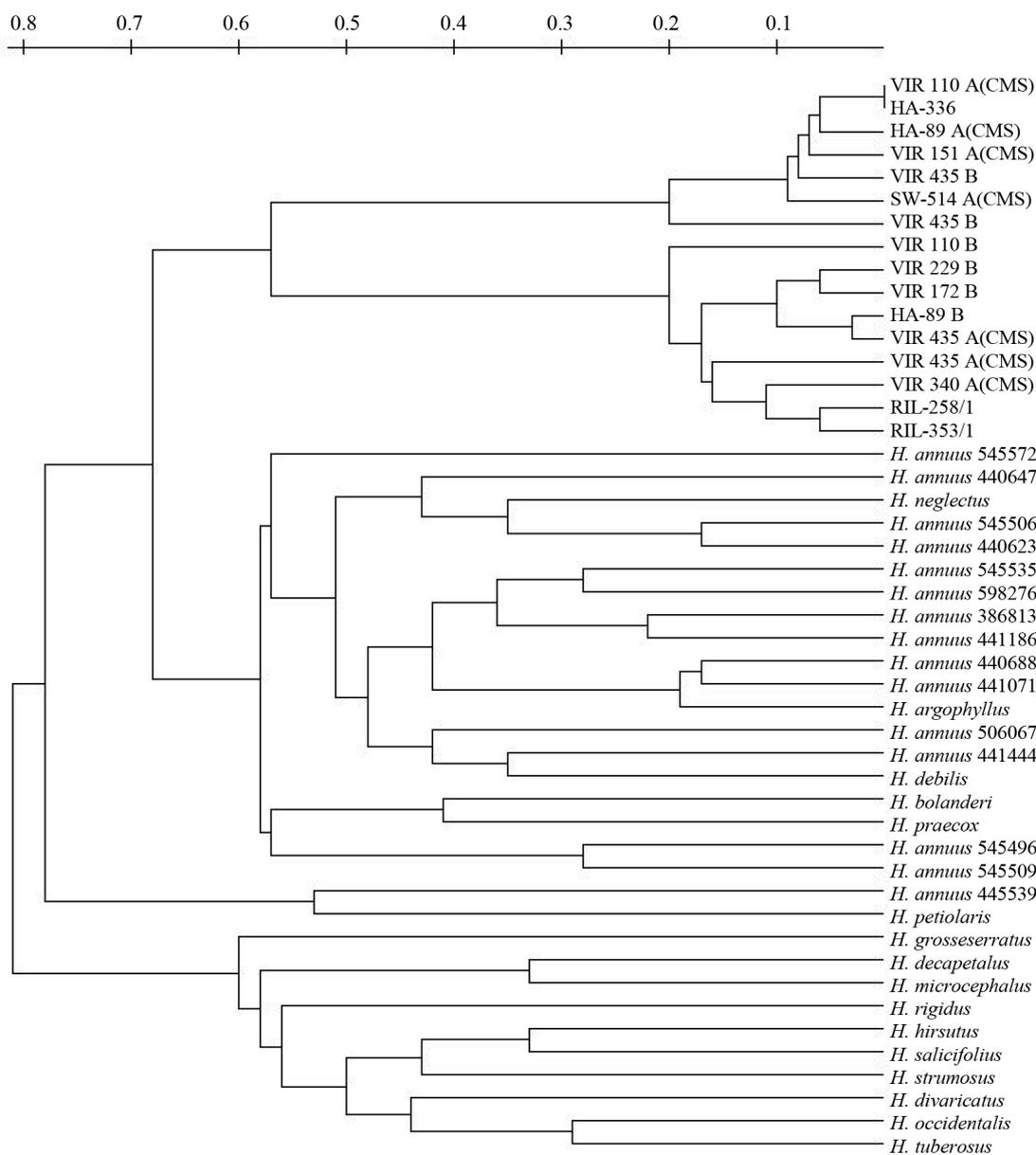


Рис. 1. Дендрограмма, построенная на основе SSR-анализа хлДНК и мтДНК, демонстрирующая генетические дистанции между видами рода *Helianthus* L.