

Перспективные ДНК-маркеры для идентификации устойчивости подсолнечника к заразице расы G

Научный руководитель – Усатов Александр Вячеславович

Черепанов Михаил Игоревич

Студент (бакалавр)

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

E-mail: misha282013@mail.ru

Заразица (*Orobanchе cumana* Wallr.) представляет серьезную угрозу для подсолнечника, особенно в регионах с интенсивным выращиванием культуры. Вредоносность паразита обусловлена его способностью извлекать питательные вещества из корней растения-хозяина, что приводит к значительному снижению урожайности. В борьбе с заразицей наиболее эффективным и экологически безопасным методом является селекция устойчивых сортов и гибридов. Современные молекулярные технологии позволяют ускорить этот процесс за счет использования ДНК-маркеров, ассоциированных с устойчивостью к заразице [2].

Для идентификации устойчивых генотипов применяются различные типы молекулярных маркеров, среди которых наиболее перспективными являются SCAR (sequence characterized amplified region) и CAPS (cleaved amplified polymorphic sequences). В частности, маркеры RORS1 и C3_9713 продемонстрировали четкую связь с устойчивостью к расе G заразицы, выявленной в исследованиях на подсолнечнике. Устойчивые линии характеризуются амплификацией специфических фрагментов ДНК при проведении ПЦР, что позволяет точно различать восприимчивые и устойчивые растения [1].

Объектами исследования служили 13 линий подсолнечника, где 7 были неустойчивыми и 6 устойчивыми к заразице расы G. Методика выявления генов включает выделение ДНК из ткани подсолнечника, амплификацию с использованием праймеров, специфичных к целевым участкам генома, и последующее электрофоретическое разделение продуктов амплификации. Результаты анализа подтверждают, что использование маркерных систем RORS1/SORS9 и C3_9713/C3_9702 позволяет эффективно отбирать устойчивые растения на ранних стадиях вегетации, сокращая временные и финансовые затраты селекционного процесса [3].

Таким образом, разработка и внедрение ДНК-маркеров в селекцию подсолнечника открывает новые возможности для создания высокоустойчивых гибридов, способных сохранять продуктивность даже в условиях инфицирования заразицей. Это способствует повышению эффективности сельскохозяйственного производства и снижению зависимости от дорогостоящих агротехнических методов борьбы с паразитом.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках государственного задания в сфере научной деятельности № FENW-2023-0008.

Источники и литература

- 1) Савиченко, Д. Л. РАЗРАБОТКА ДНК-МАРКЕРОВ ПРИЗНАКА УСТОЙЧИВОСТИ ПОДСОЛНЕЧНИКА К РАСЕ G ЗАРАЗИЦЫ (OROBANCHE CUMANA WALLR.) / Д. Л. Савиченко, С. З. Гучетль, Е. Д. Логинова // Масличные культуры. 2023. №1 (193).

- 2) Федотов, В. А. Заразиха на подсолнечнике и система мер борьбы с нею / В. А. Федотов, Н. А. Макарова, Н. В. Подлесных // Инновационные технологии производства зерновых, зернобобовых, технических и кормовых культур : Юбилейный сборник научных трудов, Воронеж, 28 ноября 2016 года / Под общей редакцией В.А. Федотова; Ответственные за выпуск сборника Н.В. Подлесных, Е.Н. Пшеничная. – Воронеж: Воронежский государственный аграрный университет им. Императора Петра I, 2016. – С. 124-134.
- 3) 3. Imerovski, I., Dedić, B., Cvejić, S. et al. BSA-seq mapping reveals major QTL for broomrape resistance in four sunflower lines. Mol Breeding 39, 41 (2019). <https://doi.org/10.1007/s11032-019-0948-9>