

## РАЗРАБОТКА ДНК-ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ САХАРНОЙ СВЁКЛЫ (*BETA VULGARIS L.*)

Федулова Т. П., Богачева Н. Н., Хуссейн А. С., Налбандян А. А.

ГНУ «Всероссийский НИИ сахарной свеклы им. А.Л. Мазлумова Россельхозакадемии», Воронежская обл., Рамонский район, п. ВНИИСС, Россия; biotechnologiya@mail.ru

Одним из перспективных подходов, позволяющих интенсифицировать селекционный процесс сахарной свёклы, является молекулярно-генетический анализ родительских линий и гибридов F<sub>1</sub>. Использование ДНК-маркеров для генотипирования селекционных коллекций способно значительно ускорить процесс выделения перспективных форм для подбора полиморфных пар при гибридизации.

Настоящая работа направлена на выявление эффективных ДНК-маркеров для оценки дивергенции селекционного материала сахарной свёклы, его идентификации, подбора пар для скрещиваний, отбора интрогрессивных форм при межвидовой гибридизации и тестирования трансгенных растений.

На основе RAPD-профилей геномной ДНК, полученных с одиночными праймерами PAWS 5, PAWS 6, PAWS 16, PAWS 17, составлены генетические формулы, позволившие осуществить молекулярно-генетическую идентификацию селекционных материалов сахарной свёклы. Наибольший полиморфизм установлен для праймеров к умеренно повторяющимся последовательностям ДНК PAWS 5 и PAWS 17. Исследованные селекционные материалы характеризовались варьированием числа выявляемых ДНК-ампликонов в зависимости от генотипа и локуса от 1 до 8 и диапазоном длин получаемых RAPD-фрагментов от 250 до 2000 п.н. С использованием произвольных одиночных праймеров определены генетические дистанции и проведена кластеризация для 33 комбинаций скрещиваний, что дает возможность наиболее обоснованно подбирать родительские компоненты гибридов. Выявлена генетическая изменчивость исходных линий сахарной свёклы, заключающаяся в различной частоте встречаемости аллелей (8,3%, 25%, 50%, 66,6% и 100%) по парам микросателлитных локусов (Bvv 15 + Bvv 43, Bvv 21 + Bvv 53, Bvv 30 + Bvv 64, Bvv 23 + Bvv 32, Bvv 60 + Bvv 51).

В геноме межвидовых гибридов *B. vulgaris* x *B. corolliflora* различной ploидности установлено присутствие *Haelll* сателлитной последовательности (161 п.н.), являющейся видоспецифическим признаком дикога вида *B. corolliflora*. Праймеры к данному сателлиту позволили эффективно осуществлять отбор интрогрессивных форм свеклы. Впервые у трансгенных линий сахарной свеклы, несущих в своих геномах векторные конструкции с генами *mf2* (4 линии) и *mf3* (9 линий), контролирующих неспецифическую устойчивость к фитопатогенам, выявлен полиморфизм 12 микросателлитных локусов ДНК и составлены индивидуальные генетические паспорта, представленные в качестве набора аллелей, в виде штрих - кода.