

2. Мережко, А. Ф. Эффективный метод опыления зерновых культур: методические указания / А.Ф. Мережко, Л.М. Ерохин, А.Е. Юдин. - Л.: Всесоюзный ордена Ленина научно-исследовательский институт растениеводства имени Н.И. Вавилова – Л, 1973. - 11 с.

3. Хакимова, А.Г., Губарева, Н.К., Кошкин, В.А., Митрофанова, О.П. Генетическое разнообразие и селекционная ценность синтетической гексаплоидной пшеницы, привлеченной в коллекцию ВИР / А.Г. Хакимова, Н.К. Губарева, В.А. Кошкин, О.П. Митрофанова // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2019 - Т. 23. - № 6. – С. 738-745.

4. Bouguennec, A., Lesage, V.S., Gateau, I., Sourdille, P., Jahier, J., Lonnet, P. Transfer of recessive *Skr* crossability trait into well-adapted French wheat cultivar Barok through marker-assisted backcrossing method / A. Bouguennec, V.S. Lesage, I. Gateau, P. Sourdille, J. Jahier, P. Lonnet // Cereal Research Communications. - 2018. - V 46. –I 4. – P. 604-615.

5. Laugerotte J., Baumann U., Sourdille P. Genetic control of compatibility in crosses between wheat and its wild or cultivated relatives / J. Laugerotte, U. Baumann, P. Sourdille // Plant Biotechnology Journal. - 2022. - V 20. - I 5. - P. 1-21.

7. Moskal, K., Kowalik, S., Podyma, W., Łapiński, B., Boczkowska, M. The Pros and Cons of rye chromatin introgression into wheat genome / K. Moskal, S. Kowalik, W. Podyma, B. Łapiński, M. Boczkowska // Agronomy. - 2021. - V 11. - I 3. - P. 1-17.

8. Mujeeb-Kazi, A., Rosas, V., Roldan, S. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh. (*Aegilops sguarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheat (*T. turgidum* L. s. lat. $\times T.$ *tauschii*; $2n = 6x = 42$, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement / A. Mujeeb-Kazi, V. Rosas, S. Roldan // Genet. Res. Crop Evol. - 1996. - I 39. - P. 129-134.

9. Zhang, L., Wang, J., Zhou, R., Jia, J. Discovery of quantitative trait loci for crossability from a synthetic wheat genotype / L. Zhang, J. Wang, R. Zhou, J. Jia // Journal of Genetics and Genomics. - 2011. - V 38. - I 8. - P. 373-378.

УДК:633.511.575.22

ИЗУЧЕНИЕ ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У ВНУТРИВИДОВЫХ РАЗНОВИДНОСТЕЙ ВИДА *G.HIRSUTUM* L. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

Сафиуллина Асия Камильовна, Эрназарова Дилрабо Кушбаковна, Кушанов Фахриддин Ньматуллаевич

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Аннотация: В статье изучено хозяйственно-ценные признаки некоторых представителей вида *G. hirsutum* L. с помощью микросателлитных маркеров и определено расположение маркерных регионов в геноме. В общей сложности из 182 молекулярных маркерах полиморфизм наблюдался в 96, а в остальных 86 наблюдался мономорфный характер локусов.

Ключевые слова: *G. hirsutum* L., микросателлитных маркеров, *in silico*, полиморфизм, геном хлопчатника.

Abstract. In the article, economically valuable traits of some representatives of the *G.hirsutum* L. species were studied using microsatellite markers and the location of marker regions in the genome was determined. In total, out of 182 molecular markers, polymorphism was observed in 96, and in the remaining 86, a monomorphic character of the loci was observed.

Key words: *G.hirsutum* L., microsatellite markers, *in silico*, polymorphism, cotton genome.

Введение. Ещё в первые десятилетия развития генетики стало ясно, что генетические маркеры могут быть полезными при анализе сложных признаков и определение филогенетического родства. В качестве прямого доказательства монофилетического происхождения видов *Gossypium* L. на основе молекулярных данных рассматривается

родство между диплоидными и тетраплоидными видами хлопчатника: 1) *G.arboreum* L. и *G.herbaseum* L., принадлежащие к А-геному тесно связаны с тетраплоидными видами хлопчатника по сравнению с геномом D 2) Виды хлопчатника с D-геномом *G.raimondii* Ulbr. имеют высокий коэффициент генетического сходства с тетраплоидными видами хлопчатника, кроме того, среди тетраплоидных видов первым был выделен *G.hirsutum* L., вторым *G.barbadense* L. Было обнаружено, что виды *G.mustelinum* Miers ex Watt. и *G.darwinii* Watt. тесно связаны друг с другом по сравнению с другими тетраплоидными видами [6].

По данным анализа маркеров AFLP установлено, что генетическая дистанция между *G.barbadense* L. и *G.hirsutum* L. находится в диапазоне 21-33%, а по анализа маркеров SSR варьировала в пределах 42-54 %, *G.tomentosum* Nuttall ex Seemann. ближе к геному *G.hirsutum* L. (GD=0,16), чем другие аллотетраплоидные виды [5], *G.darwinii* Watt. показывают, что этот вид близок к *G.barbadense* L. [4]. Согласно маркерному анализу AFLP генетическое расстояние между геномами А и D хлопчатника оказалось в пределах 0,72-0,82 [1, 2, 5], а по SSR маркеров варьировала в пределах 29-42 % [3].

Основная цель данной работы – изучить хозяйственно-ценные признаки и определить филогенетического родства некоторых представителей вида *G.hirsutum* L. с помощью микросателлитных маркеров. Объектом исследования послужили: дикий подвид – *ssp.mexicanum*, *ssp.mexicanum* var.*nervosum*, полудикий – *ssp.punctatum*, культурно-тропический подвид – *ssp.paniculatum* (Родесија), культурно-субтропический подвид – *ssp.euhirsutum* (сорта «Омад и Бахт»), а также видовые разновидности – var.*religiosum* (Mexico), var.*morilli* (США, Калифорния), var.*richmondii* (Mexico), *ssp.latifolium* (Mexico, Nayarit Lanita), *ssp.latifolium* (Mexico, Holisko Tidolgo), *ssp.yucatanense* (Mexico). Геномная ДНК была выделена методом СТАВ для проведения анализа ПЦР (полимеразная цепная реакция) в исследуемых образцах. Молекулярный скрининг был проведен у исследуемых образцов с использованием 182 микросателлитных (или, SSR – simple sequence repeats) маркеров с 10 (BNL, GH, NAU, HAU, TMB, CGR, CIR, DPL, JESPR, MUSS) наборами, отвечающих за хозяйственно-ценные признаки хлопчатника (рис.1).

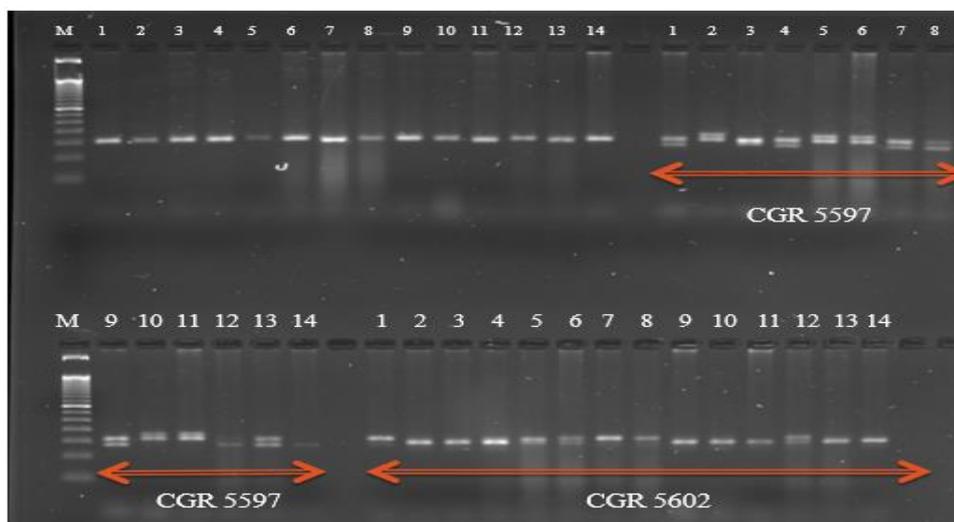


Рисунок 1. Электрофореграмма ПЦР-анализа по маркерам CGR 5577 и CGR 5602.

1–*ssp.mexicanum* var.*nervosum*, 2–*ssp.mexicanum*, 3–*ssp.punctatum* (кат. А-4703), 4–*ssp.punctatum* (кат. А-4744), 5–*ssp.paniculatum*, 6–*ssp.latifolium* (Mexico, Nayarit Lanita), 7–*ssp.latifolium* (Mexico, Holisko Tidolgo), 8–var.*morilli* (кат. А-4913), 9–var.*morilli* (кат. А-4815), 10–var.*religiosum*(кат. А-4814), 11– *ssp.yucatanense*, 12–var.*richmondii* 13–*ssp.euhirsutum* сорт Омад, 14–*ssp.euhirsutum* сорт Бахт

В результате обнаружили что набор NAU показал самый высокий полиморфизм (70,2 %) в исследуемых образцах. Также среди родительских генотипов 18 (54,5 %) из 33 набор BNL полиморфны, остальные 15 (45,4 %) мономорфны. В то время как, в наборе CGR, наоборот,

используемые маркеры слабо полиморфны (19,0 %) и оказался высоко мономорфным (80,9 %). В общей сложности, полиморфизм наблюдался в 96 молекулярных маркерах из 182, а в остальных 86 наблюдался мономорфный характер локусов (рис.1).

В проведенных *in silico* ПЦР-анализах, на основе последовательностей полиморфных SSR-маркеров и с использованием программного обеспечения Unipro UGENE, определено расположение маркерных регионов в геноме (рис. 2).

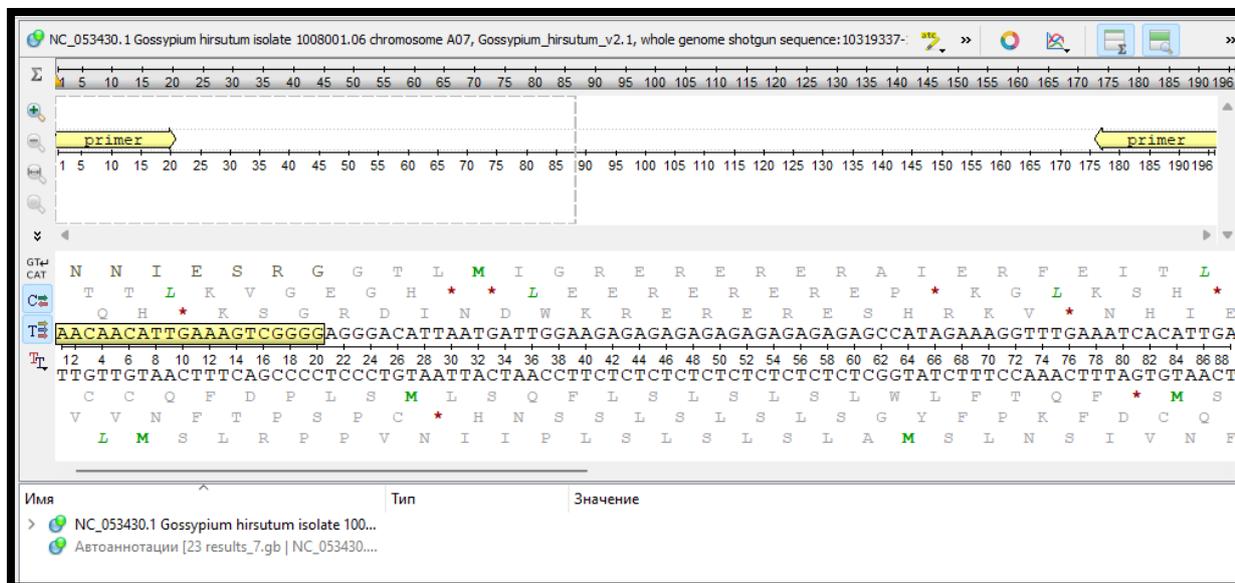


Рисунок 2. Геномный регион хлопчатника маркера BNL2634, сцепленный с признаком длины и прочности волокна.

Выводы. Таким образом, в результате молекулярного анализа, наблюдался полиморфизм у 96 маркеров из 182 пар микросателлитных маркеров NAU, TMB, BNL, GH, HAU, JESPR, MUSS. По остальным 86 маркерам наблюдался мономорфный характер локусов. Кроме того, выявлено, что сцепленный с признаком длины и прочности волокна маркерный регион BNL2634, расположен в хромосоме A07 хлопчатника. В настоящее время продолжают исследовательские работы по установлению филогенетического родства исследуемых образцов.

Список литературы:

1. Abdalla A.M.; Reddy O.U.K. El-Zik, K.M. & Pepper, A.E. Genetic Diversity and Relationships of Diploid and Tetraploid Cottons Revealed Using AFLP. 2001. *Theoretical and Applied Genetics*, Vol. 102, No. 2-3, pp. 222-229, ISSN 1432-2242.
2. Iqbal J.; Reddy O.U.K.; El-Zik, K.M. & Pepper, A.E. A Genetic Bottleneck in the 'Evolution Under Domestication' of Upland Cotton *Gossypium hirsutum* L. Examined Using DNA Fingerprinting. *Theoretical and Applied Genetics*, Vol. 103, No.4, 2001. pp. 547-554, ISSN 1432-2242.
3. Kebede H.; Burow, G.; Dani R.G. & Allen, R.D. A-genome Cotton as a Source of Genetic Variability for Upland Cotton (*Gossypium hirsutum*). *Genetic Resources and Crop Evolution*, Vol. 54, No. 4, 2007. pp. 885-895, ISSN 1573-5109
4. Percy R.G., Wendel J.F., Allozyme evidence for the origin and diversification of *Gossypium barbadense* L. *Theor. Appl. Genet.* 79, 1990.529–542.
5. Westengen O.T., Huaman Z. & Heum, M. Genetic Diversity and Geographic Pattern in Early South American Cotton Domestication. *Theoretical and Applied Genetics*, Vol. 110, No. 2, 2005. pp. 392-402, ISSN 1432-2242.
6. Yu-xiang, W., C. Jin-hong, H. Qiu-ling and Z. Shui-jin. Parental origin and genomic evolution of tetraploid *Gossypium* species by molecular marker and GISH analyses. *Caryologia* 66: 2013.pp. 368–374. doi:10.1080/00087114.2013.857830.