

- Зубарева К.Ю., Ятчук П.В., Расулова В.А. // АгроЭкоИнфо. 2020. № 3 (41). С. 2.
5. Selikhova T.N., Zubareva K.Y. Characteristics of the protein complex of field bean seeds / T.N. Selikhova, K.Y. Zubareva // В сборнике: Towards an Increased Security: Green Innovations, Intellectual Property Protection and Information Security. Conference proceedings. Сер. "Lecture Notes in Networks and Systems" Switzerland, 2022. С. 151-158.

УДК 633.34:631.523.2+575.22

Внутривидовая изменчивость ДНК органелл у сои - предпосылка создания новых ядерно-цитоплазматических комбинаций в гибридах

Марина Георгиевна Синявская¹, Валерия Вадимовна Александрович¹, Олег Георгиевич Давыденко²

¹ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», г.Минск

²ООО «Соя-Север Ко», агрогородок Колодищи

Аннотация. В статье представлены результаты изучения изменчивости геномов органелл в коллекции сортов сои методом полногеномного секвенирования (48 образцов). Все исследованные сорта сои по сочетанию выявляемых полиморфных локусов хлоропластного и митохондриального геномов можно подразделить на 6 типов. Большая часть сортов относится к 2 наиболее часто встречающимся плазматипам. Найдены сорта с редкими аллелями геномов органелл, которые представляют интерес для использования в селекции с целью расширения генофонда культивируемой сои.

Ключевые слова: соя, селекция, изменчивость, хлоропластная ДНК, митохондриальная ДНК

Intraspecific variability of soybean organelle DNA – a background of the new nuclear-cytoplasmic combinations of the hybrids

M.G. Siniauskaya¹, V. V. Aleksandrovich¹, O. G. Davydenko²

¹Institute of Genetics and Cytology, Minsk

²Soya-North Co Ltd, Kolodishchi

Abstract. The article presents the spectra of organelle genomes in a soybean varieties collection defined by whole-genome sequencing (48 samples). All soybean varieties studied can be divided into 6 types based on the combination of detected chloroplast and mitochondrial genomes polymorphic loci. Most varieties belong to the 2 common plasma types. Varieties with rare alleles of organelle genomes have been found that are recommended for use in breeding to expand the gene pool of cultivated soybeans.

Key words: soybean, selection, variability, chloroplast DNA, mitochondrial DNA

Введение. В клетках растений успешно сосуществуют 3 генома – ядра, хлоропластов и митохондрий. В хлоропластной и митохондриальной ДНК растений содержится относительно небольшое количество генов, однако их функционирование является жизненно важным для организма.

Одним из важнейших вопросов современной селекции большинства культур является выявление новых источников изменчивости используемого материала. С развитием методов секвенирования нового поколения (NGS – Next Generation Sequencing) стало возможным получение качественно новых данных об изменчивости геномов растений [2, 4]. Изменчивость ДНК органелл является мало изученной и поэтому практически не используется в селекции, хотя интуитивно часто у селекционеров есть предпочтения о том,

какие формы (сортообразцы) наиболее выгодно использовать в скрещиваниях в качестве того или иного родителя для получения успешных гибридов.

Целью данного исследования стало изучение уровня изменчивости оргanelльных геномов у важнейшей сельскохозяйственной культуры – сои.

В **задачи** входило – выделить ДНК оргanelл и тотальную ДНК сои из коллекции сортов лаборатории нехромосомной наследственности ИГиЦ, методом NGS (полногеномного секвенирования) получить полные последовательности геномов хлоропластов и митохондрий, верифицировать полиморфные локусы секвенированием по Сэнгеру, провести дифференциацию сортов на плазматипы на основании полученных данных об изменчивости.

Методы. Объектами исследования стали 48 сортов сои разнообразного географического происхождения (список сортов можно получить по запросу у авторов). Была выделена оргanelльная ДНК из 7-10 дневных проростков сои [3], качество препаратов ДНК проверено. Для приготовления ДНК-библиотеки использовали набор реагентов Illumina® DNA Prep, (M) Tagmentation (24 Samples) и Nextera XT IndexKit v2 Set A (96 indexes, 384 samples). Парноконцевое секвенирование проводили на приборе Illumina MiSeq с использованием MiSeq Reagent Kit v3 (600-cycle). «Сырые» данные были обработаны согласно алгоритму, разработанному ранее в лаборатории нехромосомной наследственности ИГиЦ [1]. В качестве референсных последовательностей использовали: сборку хлоропластного генома сорта Bragg (NCBI GenBank – MW35726), сборку митохондриального генома сорта Williams 82 (NCBI GenBank – NC_020455.1). Полиморфные локусы были проверены секвенированием по Сэнгеру.

Результаты и обсуждение. Проведен сравнительный анализ изменчивости полных геномов хлоропластов и митохондрий в коллекции сортов сои различного происхождения (см. рисунок 1).



Рисунок 1. Географическое происхождение исследуемого материала

В хпДНК найдено 9 полиморфных локусов, из них - 5 в кодирующих областях. Для мтДНК выявлен значительно больший спектр изменчивости – 17 полиморфных локусов, большинство из которых в межгенных областях.

Весь спектр изменчивости по хп и мтДНК сои представлен 3 типами хлоропластной ДНК (С1-С3), 5 типами митохондриальной ДНК (М1-М5).

Комбинация спектров изменчивости по обоим оргanelльным геномам позволило выделить в коллекции сои 6 плазматипов. Большая часть сортов была представлена С1/М1 плазматипом, за ним следовал С2/М2 плазматип. Наиболее редкими в исследуемой

коллекции оказались – С3/М1 (сорта Легенда, Щара) и С1/М5 (сорт Optimus) плазматипы. Полученные нами данные о делении на группы сортов сои по геномам органелл отчасти аналогичны результатам работы Yue с коллегами, 2023 [5].

Проведенное исследование показало, что для дифференциации сортов сои из данного генного пула на плазматипы достаточно проведения ПЦР и секвенирования по Сэнгеру по 5 ДНК маркерам к геномам органелл (в данный момент проводится изучение расширенной выборки сортов сои - более 100 сортов).

Выводы. Уровень изменчивости органелльных геномов сои, используемых в практической селекции - низкий. Особенно он сужен для хлоропластной ДНК.

Получена информация о геномах органелл 48 сортов сои. Разработан набор ДНК маркеров для идентификации типа геномов органелл сои. Проведенное исследование и полученные нами данные будут полезны при подборе родительских пар в селекции данной культуры, расширения генофонда, используемых при гибридизации форм.

Работа выполнена в рамках ГПНИ «Биотехнологии 2», 2021–2025 г., подпрограмма «Геномика, эпигеномика, биоинформатика», задание 2.1.3.

Список литературы

1. Оценка изменчивости хлоропластных и митохондриальных геномов ячменя методом NGS-анализа органелльных смесей / Ермакович А. Е. [и др.] // Вес. Нац. акад. навук Беларусі. Сер. біял. навук. 2020. Т. 65. № 3. С. 358–364.

2. Sequencing of Chloroplast Genomes from Wheat, Barley, Rye and Their Relatives Provides a Detailed Insight into the Evolution of the Triticeae Tribe / C. P. Middleton [et al.] // PLoS ONE. 2014. № 9. P. e85761.

3. Triboush S. O., Danilenko N. G., Davydenko O. G. A method for isolation of chloroplast DNA and mitochondrial DNA from sunflower // Plant molecular biology reporter. 1998. № 16. P. 183–189.

4. The study of organelle DNA variability in alloplasmic barley lines in the NGS era // M. G. Siniauskaya [et al.] // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2020. № 24. P. 12–19.

5. Polymorphism analysis of the chloroplast and mitochondrial genomes in soybean / Yue Y. [et al.] // BMC Plant Biology. 2023. № 23. P. 1–12.

УДК 575.13:575.22

Изменчивость хлоропластного генома культивируемых в республике Беларусь сортов тритикале

Соколюк А.В., Варфоломеева Т.Е., Дубовец Н.И.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

Ключевые слова: тритикале, хлоропластный геном, нуклеотидные замены, NGS

Введение. Специфика селекции тритикале обусловлена отсутствием естественного центра формо- и видообразования, вследствие чего генетическое разнообразие пшенично-ржаных гибридов ограничено видовым и в значительно большей степени сортовым разнообразием пшеницы и ржи. Поскольку генофонд обоих хлебных злаков в последнее время подвергся значительной эрозии, проблема его расширения в равной степени касается и тритикале. Для её решения используются такие, направленные на реконструкцию ядерного генома, подходы, как создание хромосомно-замещенных форм, интрогрессия чужеродного генетического материала с целью передачи ценных признаков от диких видов. Следует, однако, отметить, что ядерный геном ответственен лишь за 75% общей генотипической изменчивости растений, в то время как остальные 25% контролируются цитоплазматическими генами [1]. Из этого следует, что геномы органелл можно рассматривать как источник дополнительного генетического разнообразия, причем источник весьма ценный, поскольку исследования