

Научная статья

УДК 633.854.78:591.151:543.9

DOI: 10.25230/2412-608X-2022-1-189-3-10

Молекулярно-генетическое разнообразие коллекции 14 линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразихи на основе изоферментных и SSR-локусов

Саида Заурбиевна Гучетль
Татьяна Сергеевна Антонова
Нина Михайловна Арасланова
Татьяна Аркадьевна Челюстникова
Юлия Владимировна Питинова

ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17
saida.guchetl@mail.ru

Ключевые слова: подсолнечник, заразиха, раса G, доноры, устойчивость, молекулярные маркеры, ДНК, изоферменты, микросателлиты, генотипирование, разнообразие

Для цитирования: Гучетль С.З., Антонова Т.С., Арасланова Н.М., Челюстникова Т.А., Питинова Ю.В. Молекулярно-генетическое разнообразие коллекции 14 линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразихи на основе изоферментных и SSR-локусов // Масличные культуры. 2022. Вып. 1 (189). С. 3–10.

Аннотация. Подсолнечник – основная масличная культура в Российской Федерации. Один из главных факторов, снижающих его урожайность, – поражение заразихой. Наиболее эффективным средством борьбы с паразитом является селекция устойчивых форм подсолнечника. Цель данной работы провести генотипирование и анализ молекулярно-генетического разнообразия на основе изоферментных и SSR-локусов коллекции линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразихи, выведенных в ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК. Материалом для исследования служили 14 линий – доноров устойчивости к этой расе разного происхождения: 2RGB, 2RGNV, 2RGA, 2RGN, 2RGS, RGL1, RGL2, RGP1, RGP2, RGB, RGN, RGM, RGA, RG. Выделение ДНК осуществляли из семядольных листьев семидневных этио-

лированных проростков подсолнечника СТАВ-способом. Для генотипирования применили 15 микросателлитных локусов и 4 изоферментные системы. Показатели дискриминационного потенциала использованной системы из 15 микросателлитных локусов вычисляли по стандартным формулам. Кластерный анализ выполнен методом Ward в программе Statistica 6.0. С помощью проведенного исследования идентифицировано 14 линий-доноров. Уникальность коллекции, выявленная при помощи анализа изоферментных систем, составила 64 %, а при помощи микросателлитных локусов – 100 %. Дискриминационный потенциал системы ДНК-маркеров оценен как средний. По результатам кластерного анализа все линии были разделены на две группы. Максимальная дистанция между линиями составила 7,4. Несмотря на то, что изученные линии объединены одним общим признаком – устойчивостью к расе G заразихи, молекулярные признаки у них отличаются. Благодаря разному генетическому фону данные линии могут быть использованы в качестве источников дополнительного разнообразия при вовлечении их в селекционные программы по созданию подсолнечника, устойчивого к расе G заразихи.

Благодарности. Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ и Администрации Краснодарского края, грант №19-44-230025 «Генетический контроль устойчивости к расе G заразихи у линий подсолнечника разного происхождения».

UDC 633.854.78:591.151:543.9

Molecular-genetic diversity of the collection of 14 sunflower lines – donors of resistance to broomrape race G based on isoenzymes and SSR-loci.

S.Z. Guchetl, head of the lab., leading researcher, PhD in biology
T.S. Antonova, head of the lab., chief researcher, doctor of biology
N.M. Araslanova, leading researcher., PhD in agriculture
T.A. Chelyustnikova, analyst
Yu.V. Pitinova, analyst

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops
17 Filatova str., Krasnodar, 350038 Russia
saida.guchetl@mail.ru

Key words: sunflower, broomrape, race G, donors, resistance, molecular markers, DNA, isoenzymes, microsatellites, genotyping, diversity

Abstract. Sunflower is main oil crop in the Russian Federation. One of the general factors decreasing

its yields is broomrape. The most effective method to protect the crops is breeding of resistant forms of sunflower. The purpose of this work is to genotype and to analyze basing on isoenzymes and SSR-loci the molecular-generic diversity of the collection of lines – donors of resistance to broomrape race G bred at V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops. An object of the research was 14 lines of the different origin – donors of the resistance to this broomrape race: 2RGB, 2RGNV, 2RGA, 2RGN, 2RGS, RGL1, RGL2, RGP1, RGP2, RGB, RGN, RGM, RGA, and RG. DNA was isolated by STAB-method from the cotyledons of seven-day etiolated sunflower seedlings. Genotyping was conducted using 15 microsatellite loci and four isoenzymes systems. The indicators of a discriminating potential of used 15 microsatellite loci were calculated by the standard formulas. Cluster analysis was done by Ward-method in a program Statistica 6.0. There were identified 14 lines-donors. The collection was analyzed by the isoenzymes and microsatellite loci; the unicity is 64% and 100%, respectively. The discriminating potential of a system of DNA-markers is average. Due to cluster analysis, all lines were divided into two groups. The maximal distance between the lines was 7.4. In spite of the studied lines have a common trait – resistance to the broomrape race G, their molecular traits distinguished. According to the different genetic background, these lines can be used as a source of the additional diversity when involving into the breeding of sunflower resistant to broomrape race G.

Acknowledgements. The research was conducted under financial support of the RFFR and the Government of the Krasnodar region, grant project No 19-44-230025 “Genetic control of the resistance to broomrape race G in sunflower lines of the different origin”.

Введение. Биотические факторы – одна из главных причин снижения урожайности ценной масличной культуры – подсолнечника. К ним относятся возбудители таких болезней, как ложная мучнистая роса, ржавчина, сухая гниль корзинки, фомоз, бактериоз и другие, а также заразики. Сотрудники ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК ежегодно проводят мониторинг болезней на гибридах и сортах подсолнечника и определяют их возбудителей [1; 2; 3]. Для снижения негативного последствия, вызываемого этими патогенами,

применяются различные агротехнические приемы, а также обработка семян и посевов пестицидами [4; 5; 6]. Но наиболее эффективным средством остается селекция устойчивых форм подсолнечника. С помощью селекции получают гибриды подсолнечника, резистентные к основным патогенам [7; 8]. За последние десятилетия в южных регионах России появились новые вирулентные расы заразики, которые поражают ранее устойчивые отечественные и зарубежные сорта и гибриды подсолнечника. Как ответная мера, создаются линии и гибриды подсолнечника, устойчивые к расе G заразики. Так, сотрудниками ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК получены линии-доноры разного происхождения, устойчивые к расе G заразики [9]. Созданы также устойчивые к этой расе селекционные линии с разной продолжительностью периода от всходов до цветения, различающиеся по высоте и масличности [3]. Требования к исходному селекционному материалу для производства новых гибридов включают наличие максимального биологического разнообразия. Линии – доноры устойчивости подсолнечника к расе G заразики могут служить источником этого разнообразия. Ранее были проведены испытания этих линий на отличимость, однородность и стабильность. Показано, что линии различались между собой по ряду морфологических и других признаков, таких как продолжительность периода от всходов до цветения растений, высота растений, форма и окраска листа и язычкового цветка и т. д. [10]. Дополнительную характеристику генетического разнообразия могут дать молекулярные маркеры, по которым данная коллекция линий еще не изучена. Молекулярные маркеры во всем мире признаны значимым инструментом изучения генетического разнообразия культурных растений. Например, с помощью основных типов молекулярных маркеров (RFLP, RAPD, SSR, ISSR, AFLP, SCAR, SSCP, ретро-транспозонные маркеры и т. д.) исследо-

вано межвидовое и внутривидовое генетическое разнообразие *Rubus L.*, RAPD- и SSR-маркеров – внутри- и межвидовой полиморфизм видов рода *Aegilops L.*, SSR-маркеров – генетический пул фруктовых культур, выполнен анализ генетического сходства гибридных форм винограда [11; 12; 13; 14].

Целью данной работы является генотипирование и анализ молекулярно-генетического разнообразия на основе изоферментных и SSR-локусов коллекции линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразики, выведенных в ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК.

Материалы и методы. Материал для исследования – 14 линий-доноров разного происхождения, устойчивых к расе G заразики: 2RGB, 2RGNV, 2RGA, 2RGN, 2RGS, RGL1, RGL2, RGP1, RGP2, RGB, RGN, RGM, RGA, RG [9].

Изоферменты экстрагировали гомогенизацией части семядоли сухой семянки в 20 мкл 0,1 М трис-НСl буфера с добавлением 0,1%-ного поливинилпирролидона. Электрофорез выполняли в 12%-ном крахмальном геле с добавлением 2,04 % сахарозы. Для электрофоретического разделения изоферментов использовали гистидин-цитратный буфер pH 5,7. После электрофореза гелевая пластина разрезалась тонкой нихромовой нитью на три среза. Выявление зон энзиматической активности изоферментных систем эстеразы (EST), малатдегидрогеназы (MDH), глюкозофосфатдегидрогеназы (GPI) и 6-фосфоглюконатдегидрогеназы (PGD) проводилось окрашиванием по стандартным прописям у С. Vallejos [15].

Выделение ДНК осуществляли из семядольных листьев семидневных этиолированных проростков подсолнечника СТАВ-способом. Для проведения ПЦР использовали 25 мкл реакционной смеси следующего состава: 67 мМ трис-НСl, pH 8,8; 16,6 мМ сульфата аммония; 1,5–3 мМ MgCl₂; 0,01%-ный Tween 20; по 0,2 мМ дезоксирибонуклеозидфосфатов; по 10 пМ праймеров; 10 нг матричной ДНК и 1 ед. рекомбинантной термостабильной ДНК полимеразы (Сибэнзим,

Москва). Для амплификации применяли термоциклер S1000™ (BioRad, США). Условия амплификации: начальная денатурация при 96 °С в течение 2 мин; затем 30 циклов при соблюдении температурно-временного режима: отжиг при 55–60 °С в течение 40 с, элонгация – 1 мин при 70 °С, денатурация при 94 °С – 30 с, финальная элонгация – 2 мин. Для генотипирования применили 15 известных микросателлитных локусов [16; 17].

Электрофорез продуктов амплификации проводили в 2%-ном агарозном (1 x SB-буфер) и 8%-ном полиакриламидном геле (1 x TBE-буфер) с использованием камер для горизонтального (SE.2, ДНК-технология, Россия) и вертикального (VE.2, ДНК-технология, Россия) электрофореза. Последующее окрашивание осуществляли бромистым этидием. Визуализация результатов электрофореза в ультрафиолетовом свете и их документирование обеспечивались при помощи системы цифровой документации видеоизображения BIO-PRINT (Vilber Lourmat, Франция).

Индекс полиморфного содержания (PIC) и эффективное число аллелей (n_e) для всех линий в целом вычисляли по стандартным формулам:

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2,$$

$$n_e = 1 / \sum_{j=1}^n P_{ij}^2,$$

где P частота j паттерна для локуса i и суммирование распространяется на n паттернов.

Кластерный анализ выполнен методом Ward с использованием евклидовых дистанций в программе Statistica 6.0.

Результаты и обсуждение. Характеристика линий по биохимическим маркерам была осуществлена по четырем полиморфным изоферментным локусам: эстеразе (EST), малатдегидрогеназе (MDH), 6-фосфоглюконатдегидрогеназе (6PGD) и глюкозофосфатизомеразе (GPI). Выявлено по два аллеля на локус. По всем исследуемым инбредным линиям были составлены изоферментные паспорта (табл. 1). Анализ биохимических ха-

рактических линий показал, что они делятся на девять групп, отличающихся друг от друга. Первая группа объединила линии 2RGA и RGN. Во вторую группу вошли линии RGL1, 2RGS. Третья включает RGA, RGP1, RGM. Четвертая – 2RGB и RGB. Линии RG, RGP2, 2RGN, RGL2 и 2RGNV отличались уникальным составом аллозимов. Уникальность анализируемой коллекции линий составила 64 %.

Таблица 1

Изоферментные фенотипы 14 линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразики

Линия	Изофермент			
	EST	MDH	GPI	PGD
2RGA	FF*	FF	SS	SS
RGN	FF	FF	SS	SS
RGL1	FF	SS	FF	SS
2RGS	FF	SS	FF	SS
RGA	SS	SS	FF	SS
RGP1	SS	SS	FF	SS
RGM	SS	SS	FF	SS
2RGB	SS	FF	FF	SS
RGB	SS	FF	FF	SS
RGP2	SS	SS	FF	FF
RG	SS	FF	FF	FF
2RGN	SS	FF	SS	SS
RGL2	FF	FF	FF	SS
2RGNV	FF	FF	SS	FF

*Примечание: SS – аллозим с медленной электрофоретической подвижностью, FF – аллозим с быстрой электрофоретической подвижностью

Поскольку для генотипирования по изоферментным системам используется небольшое число маркеров и количество аллозимных вариантов не превышает двух, такая низкая уникальность коллекции вполне закономерна. Генотипирование коллекции по биохимическим признакам рассматривается нами как предварительное и дополнительное к анализу микросателлитных локусов ДНК. В результате анализа исследуемых линий по 15 микросателлитным локусам были получены специфичные фрагменты ДНК. Все использованные локусы были полиморфны в пределах изучаемой коллекции образцов, кроме локуса ORS553, у которого обнаружен лишь один аллель. При анализе электрофоретических спектров линий выявлена индивидуальность аллельного

состава каждой из них. Уникальность каждой линии в изученной группе составила 100 % (табл. 2).

Таблица 2

Аллельные состояния 15 микросателлитных локусов 14 линий – доноров устойчивости подсолнечника к расе G заразики

Гено-тип	SSR локусы														
	ORS 5	ORS 1144	ORS 1287	HAR 432	ORS 509	ORS 553	HAR 1608	HAR 514	ORS 1043	ORS 1327	ORS 166	ORS 37	ORS 559	HAR 1796	ORS 815
2RGB	307*	141	192	164	210	135	235	180	183	192	358	185	122	232	212
2RGNV	307	136	192	176	210	135	225	180	201	187	358	185	122	152	212
2RGA	307	136	207	176	210	135	235	194	201	187	358	185	122	152	212
2RGN	307	141	207	170	220	135	235	180	183	187	358	185	122	152	212
2RGS	334	136	207	164	210	135	265	180	201	192	358	185	142	152	212
RGL1	334	136	192	164	220	135	265	194	183	187	358	185	142	152	212
RGL2	334	136	207	164	220	135	265	180	183	192	345	185	142	152	212
RGP1	334	136	207	176	220	135	265	180	183	187	345	185	142	232	240
RGP2	334	141	192	164	220	135	265	180	183	187	358	185	142	232	212
RGB	334	141	192	164	220	135	265	170	183	187	345	185	142	152	212
RGN	334	141	192	164	220	135	265	180	183	187	358	155	122	152	227
RGM	334	136	192	176	210	135	235	180	201	187	358	185	142	232	212
RGA	334	141	192	164	210	135	265	180	183	187	358	185	142	232	212
RG	334	136	192	164	220	135	265	180	183	187	358	185	142	232	240

Для определения дискриминационного потенциала системы маркеров в пределах использованной коллекции линий вычисляли показатели: наблюдаемое число аллелей (n_a), эффективное число аллелей (n_e) индекс полиморфного содержания (PIC) (табл. 3).

Таблица 3

Дискриминационная сила системы 15 SSR-маркеров для 14 линий – доноров устойчивости к расе G заразики

Локус	Размер аллеля (п.н)	n_a	n_e	PIC
ORS5	307, 334	2	1,72	0,42
ORS1144	136, 141	2	1,96	0,49
ORS1287	192, 207	2	1,85	0,46
HAR432	164, 170, 176	3	2,01	0,50
ORS509	210, 220	2	1,96	0,49
ORS553	135	1	1	0
HAR1608	225, 235, 265	3	2,01	0,50
HAR514	170, 180, 194	3	1,56	0,36
ORS1043	183, 201	2	1,72	0,42
ORS1327	187, 192	2	1,51	0,33
ORS166	345, 358	2	1,51	0,33
ORS37	155, 185	2	1,07	0,07
ORS559	122, 142	2	1,85	0,46
HAR1796	152, 232	2	1,96	0,49
ORS815	212, 227, 240	3	1,56	0,36
Среднее		2,2	1,68	0,38

Наибольший полиморфизм был выявлен у локусов HAR432 и HAR1608 (n_a 3, PIC 0,50 и n_e 2,01). Наименьшим поли-

морфизмом отличался ORS37 (n_a 2, PIC 0,07 и n_e 1,07). Остальные локусы показали средний уровень полиморфизма (n_a равное 2–3, PIC от 0,36 до 0,50, n_e от 1,56 до 2,00) (табл. 3).

Средние величины показателей информативности составили: n_a 2,2, n_e 1,68, PIC 0,38. Дискриминационная сила системы маркеров оценена как средняя. Эти результаты вполне согласуются с данными, полученными для коллекций культивируемого подсолнечника [18]. Рассчитанные нами величины характеризуют полиморфизм исследованных образцов коллекции как средний. Степень полиморфизма может существенно варьировать в зависимости от числа исследуемых генотипов и их генетического разнообразия. Образцы, использованные в нашей работе, имеют разное происхождение, но их количество невелико. Это может объяснять почему показатели информативности SSR-локусов невысокие.

Для выяснения генетических взаимоотношений внутри изучаемой группы линий применили технику кластеризации. Данные об аллельных состояниях микросателлитных локусов перевели в матрицу бинарных состояний. При выполнении иерархической кластеризации применили метод дисперсионного анализа для оценки расстояний между кластерами (метод Ward). Результаты кластерного анализа для 14 линий по 15 SSR-локусам приведены на рисунке 1.

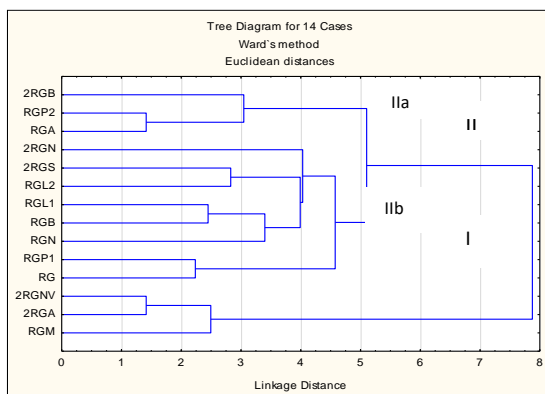


Рисунок 1 – Дендрограмма генетических дистанций между 14 линиями – донорами устойчивости подсолнечника к расе G заразики на основе 15 SSR-локусов, построенная по методу Ward

Как видно из дендрограммы (рис. 1), все линии разделились в два кластера на уровне объединения 7,8. Кластер I объединил линии 2RGNV, 2RGA, RGM. Остальные 11 линий были сгруппированы в большой кластер II, который на уровне объединения 5,2 был подразделён на два меньших субкластера. В субкластер IIa были сгруппированы линии 2RGB, RGP2, RGA. Остальные восемь линий, вероятно, наиболее близки генетически, поскольку формируют один субкластер IIb. Для того чтобы выяснить, насколько на распределение по кластерам изучаемых образцов влияют дополнительные маркеры, матрицу бинарных состояний для SSR-локусов дополнили состояниями аллельных вариантов изоферментов. Результаты кластерного анализа для 14 линий-доноров по 15 SSR- и четырем изоферментным локусам показаны на рисунке 2.

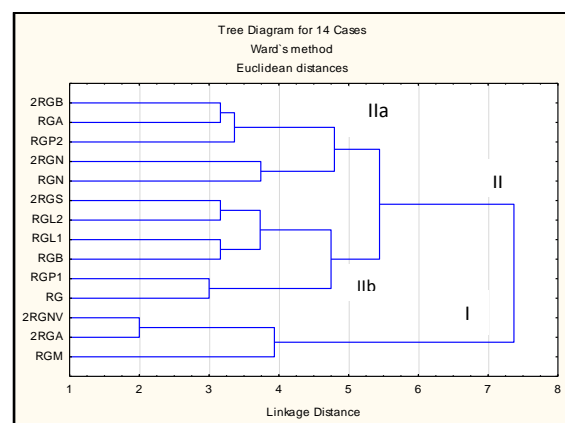


Рисунок 2 – Дендрограмма генетических дистанций между 14 линиями – донорами устойчивости подсолнечника к расе G заразики на основе 15 SSR- и четырех изоферментных локусов, построенная по методу Ward

Сопоставление результатов кластеризации по 15 SSR-локусам (рис. 1) и 15 SSR- и четырем изоферментным локусам (рис. 2), показывает, что состав кластеров сохранен. Небольшие изменения были выявлены внутри кластеров. Так, в кластере II, где сгруппировано большее количество линий, распределение последних в субкластеры стало более равномерным. В

субкластер IIa попало пять линий – 2RGB, RGP2, RGA, 2RGN, RGN. Линии 2RGS, RGL2, RGL1, RGB, RGP1, RG сформировали субкластер IIb. Вероятно, из-за низкой информативности изоферментных локусов уменьшился уровень объединения кластеров с 7,8 до 7,4. Вместе с этим увеличился уровень объединения субкластеров кластера II с 5,2 до 5,4. Таким образом, использование разных типов маркеров способствовало большей дифференциации изучаемых генотипов.

Все изученные линии объединены одним общим признаком – устойчивостью к расе G заразихи, а линии RG, RGL2, RGL1, RGB, RGP1, RGA, RGN, как было доказано, обладают идентичным геном устойчивости [19]. Однако ряд морфологических и селекционно ценных [10] так же, как и молекулярных признаков, у них отличается. Следовательно, благодаря разному генетическому фону данные линии представляют собой еще и источники дополнительного разнообразия для вовлечения в селекционные программы в качестве исходного материала и получения новых высокопродуктивных гибридов с устойчивостью к биотическим факторам окружающей среды.

Заключение. С помощью проведенного исследования установлена уникальность 14 линий подсолнечника – доноров устойчивости к расе G заразихи. Уникальность коллекции, выявленная при помощи анализа изоферментных систем, составила 64 %, а при помощи микросателлитных локусов – 100 %. Дискриминационный потенциал системы ДНК-маркеров оценен как средний, характерный для коллекций культивируемого подсолнечника. По результатам кластерного анализа все линии разделились на две группы.

Список литературы

1. Децына А.А., Хатнянский В.И., Илларионова И.В. [и др.]. Мониторинг болезней на сортах подсолнечника селекции ВНИИМК // Масличные культуры. – 2021. – Вып. 1 (185).

– С. 67–72. DOI: 10.25230/2412–608X–2021–1–185–67–72.

2. Самолюк А.Д., Ивевбор М.В., Пикалова Н.А. Распространение облигатных и факультативных паразитов подсолнечника в агроценозах Краснодарского края // В сб.: Региональные географические исследования / Под общ. ред. А.В. Погорелова. – Краснодар, 2019. – С. 112–114.

3. Рыженко Е.Н., Арасланова Н.М., Гончаров С.В. Селекция линий подсолнечника, устойчивых к расе G заразихи // Аграрная наука. – 2021. – № 6. – С. 42–45. DOI: 10.32634/0869-8155-2021-350-6-42-45.

4. Лукомец В.М., Пивень В.Т., Семеренко С.А., Бушинева Н.А. Протравливание семян биологически активными композициями как основной элемент защиты подсолнечника от болезней и почвообитающих вредителей // Защита и карантин растений. – 2020. – № 2. – С. 18–23. DOI: 10.47528/1026-8634-2020-2-18.

5. Лукомец В.М., Семеренко С.А., Пивень В.Т., Бушинева Н.А. Влияние основных агротехнических приемов на развитие болезней и сорняков в посевах подсолнечника // Защита и карантин растений. – 2020. – № 10. – С. 30–33. DOI: 10.47528/1026-8634-2020-10-30.

6. Бушнев А.С., Семеренко С.А., Гончаров С.В. Основы управления технологией возделывания подсолнечника. – Краснодар, 2019. – 216 с.

7. Гончаров С.В., Голощанова Н.Н. Комбинационная способность линий подсолнечника, устойчивых к новым расам ложной мучнистой росы // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2020. – № 84. – С. 126–129. DOI: 10.21515/1999-1703-84-126-129.

8. Шугурова Н.А., Кутищева Н.Н. Создание гибридов подсолнечника на стационарном инфекционном фоне // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. – 2017. – № 4. – С. 52–56.

9. Антонова Т.С., Стрельников Е.А., Арасланова Н.М. [и др.]. Отбор на устойчивость к расе G заразихи из расщепляющихся популяций подсолнечника в искусственных условиях выращивания // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2017. – Вып. 3 (171). – С. 18–22.

10. Арасланова Н.М., Антонова Т.С., Гучетль С.З. [и др.]. Морфологические признаки новых линий, устойчивых к расе G заразики // Масличные культуры. – 2021. – Вып. 2 (186). – С. 18–23. DOI: 10.25230/2412-608X-2021-2-186-18-23.

11. Камнев А.М., Антонова О.Ю., Дунаева С.Е. [и др.]. Молекулярные маркеры в исследованиях генетического разнообразия представителей рода *Rubus* L. и их перспективы в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2020. – № 24 (1). – С. 20–30. DOI: 10.18699/VJ20.591.

12. Кавракова З.Б., Мамадюсуфова М., Косумбекова Ф.А., Насырова Ф.Ю. RARD- и SSR-анализ внутри- и межвидового полиморфизма видов рода *Aegilops* L., произрастающих в различных природно-климатических зонах Таджикистана // Кишоварз. – № 3. – 2015. – С. 16–19.

13. Suprun I.I., Tokmakov S.V., Lobodina E.V. Microsatellite DNA-markers in the study of the gene pool of fruit crops // В сборнике: BIO Web of Conferences. Federal State Budgetary Scientific Institution North Caucasian Regional Research Institute of Horticulture and Viticulture. – 2020. – С. 0300.

14. Котляр В.К., Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Степанов И.В. Анализ генетического сходства гибридных форм винограда, полученных с использованием *Vitis amurensis* Rupr. при помощи ДНК-маркеров, сцепленных с генами устойчивости // Научные труды Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. – 2020. – Т. 29. – С. 145–149. DOI: 10.30679/2587-9847-2020-29-145-149.

15. Vallejos C.E. Enzyme activity staining // Development in plant genetics and breeding. – 1983. – Vol. 1. – Part A. – P. 469–516. DOI: 10.1016/B978-0-444-42226-2.50031-1.

16. Filippi C., Aguirre N., Rivas J.G. [et al.]. Population structure and genetic diversity characterization of a sunflower association mapping population using SSR and SNP markers // BMC Plant Biol. – 2015. – V. 15. – P. 52.

17. Tang S., Yu J-K., Slabaugh M.D. [et al.]. Simple sequence repeat map of the sunflower genome // Theor. and Appl. Genet. – 2002. – No 105. – P. 1124–1136.

18. Саналатий А.В., Солоденко А.Е., Суволап Ю.М. Идентификация генотипов под-

солнечника украинской селекции при помощи SSRP-анализа // Цитология и генетика. – 2006. – Т. 40. – № 4. – С. 37–43.

19. Гучетль С.З., Антонова Т.С., Арасланова Н.М. [и др.]. Идентичность генов устойчивости к расе G заразики у линий подсолнечника разного происхождения // Масличные культуры. – 2021. – Вып. 3 (187). – С. 3–9. DOI: 10.25230/2412-608X-2021-3-187-3-9.

References

1. Detsyna A.A., Khatnyanskiy V.I., Illarionova I.V. [i dr.]. Monitoring bolezney na sortakh podsolnechnika selektsii VNIIMK // Maslichnye kul'tury. – 2021. – Vyp. 1 (185). – S. 67–72. DOI: 10.25230/2412-608Kh-2021-1-185-67-72.

2. Samolyuk A.D., Ivebor M.V., Pikalova N.A. Rasprostranenie obligatnykh i fakul'tativnykh parazitov podsolnechnika v agrotsenozakh Krasnodarskogo kraya // V sb.: Regional'nye geograficheskie issledovaniya / Pod obshch. red. A.V. Pogorelova. – Krasnodar, 2019. – S. 112–114.

3. Ryzhenko E.N., Araslanova N.M., Goncharov S.V. Seleksiya liniy podsolnechnika, ustoychivyykh k rase G zarazikhi // Agrarnaya nauka. – 2021. – № 6. – S. 42–45. DOI: 10.32634/0869-8155-2021-350-6-42-45.

4. Lukomets V.M., Piven' V.T., Semerenko S.A., Bushneva N.A. Protravlivanie semyan biologicheski aktivnymi kompozitsiyami kak osnovnoy element zashchity podsolnechnika ot bolezney i pochvoobitayushchikh vreditel'ey // Zashchita i karantin rasteniy. – 2020. – № 2. – S. 18–23. DOI: 10.47528/1026-8634-2020-2-18.

5. Lukomets V.M., Semerenko S.A., Piven' V.T., Bushneva N.A. Vliyanie osnovnykh agrotekhnicheskikh priemov na razvitie bolezney i sornyakov v posevakh podsolnechnika // Zashchita i karantin rasteniy. – 2020. – № 10. – S. 30–33. DOI: 10.47528/1026-8634-2020-10-30.

6. Bushnev A.S., Semerenko S.A., Goncharov S.V. Osnovy upravleniya tekhnologiyey vozdeleyvaniya podsolnechnika. – Krasnodar, 2019. – 216 s.

7. Goncharov S.V., Goloshchapova N.N. Kombinatsionnaya sposobnost' liniy podsolnechnika, ustoychivyykh k novym rasam lozhnoy muchnistoy rosy // Trudy Kubanskogo gosudar-

stvennogo agrarnogo universiteta. – 2020. – № 84. – S. 126–129. DOI: 10.21515/1999-1703-84-126-129.

8. Shugurova N.A., Kutishcheva N.N. Sozdanie gibridov podsolnechnika na stacionarnom infektsionnom fone // Vestnik Belorusskoy gosudarstvennoy sel'skokhozyay-stvennoy akademii. – 2017. – № 4. – S. 52–56.

9. Antonova T.S., Strel'nikov E.A., Araslanova N.M. [i dr.]. Otbor na ustoychivost' k rase G zarazikhi iz rasshcheplyayushchikhsya populyatsiy podsolnechnika v iskusstvennykh usloviyakh vyrashchivaniya // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekh. byul. VNIIMK. – 2017. – Vyp. 3 (171). – S. 18–22.

10. Araslanova N.M., Antonova T.S., Guchetl' S.Z. [i dr.]. Morfologicheskie priznaki novykh liniy, ustoychivyykh k rase G zarazikhi // Maslichnye kul'tury. – 2021. – Vyp. 2 (186). – S. 18–23. DOI: 10.25230/2412-608X-2021-2-186-18-23.

11. Kamnev A.M., Antonova O.Yu., Dunayeva S.E. [i dr.]. Molekulyarnye markery v issledovaniyakh geneticheskogo raznoobraziya predstaviteley roda Rubus L. i ikh perspektivy v seleksii // Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii. – 2020. – № 24 (1). – S. 20–30. DOI: 10.18699/VJ20.591.

12. Kavrakova Z.B., Mamadyusufova M., Kosumbekova F.A., Nasyrova F.Yu. RARD- i SSR-analiz vnutri- i mezhvidovogo polimorfizma vidov roda Aegilops L., proizrastayushchikh v razlichnykh prirodno-klimaticheskikh zonakh Tadzhikistana // Kishovarz. – № 3. – 2015. – S. 16–19.

13. Suprun I.I., Tokmakov S.V., Lobodina E.V. Microsatellite DNA-markers in the study of the gene pool of fruit crops // V sbornike: BIO Web of Conferences. Federal State Budgetary Scientific Institution North Caucasian Regional Research Institute of Horticulture and Viticulture. – 2020. – S. 0300.

14. Kotlyar V.K., Il'nitskaya E.T., Makarkina M.V., Stepanov I.V. Analiz geneticheskogo skhodstva gibridnykh form vinograda, poluchennykh s ispol'zovaniem Vitis amurensis Rupr. pri pomoshchi DNK-markerov, stseplenyykh s genami ustoychivosti // Nauchnye trudy Severo-Kavkazskogo federal'nogo nauchnogo tsentra sadovodstva, vinogradarstva, vinodeliya. – 2020. – T. 29. – S. 145–149. DOI: 10.30679/2587-9847-2020-29-145-149.

15. Vallejos C.E. Enzyme activity staining // Development in plant genetics and breeding. – 1983. – Vol. 1. – Part A. – P. 469–516. DOI: 10.1016/B978-0-444-42226-2.50031-1.

16. Filippi C., Aguirre N., Rivas J.G. [et al.]. Population structure and genetic diversity characterization of a sunflower association mapping population using SSR and SNP markers // BMC Plant Biol. – 2015. – V. 15. – P. 52.

17. Tang S., Yu J-K., Slabaugh M.D. [et al.]. Simple sequence repeat mar of the sunflower genome // Theor. and Appl. Genet. – 2002. – No 105. – P. 1124–1136.

18. Sanalatiy A.V., Solodenko A.E., Sivolap Yu.M. Identifikatsiya genotipov podsolnechnika ukrainskoy seleksii pri pomoshchi SSRP-analiza // Tsitologiya i genetika. – 2006. – T. 40. – № 4. – S. 37–43.

19. Guchetl' S.Z., Antonova T.S., Araslanova N.M. [i dr.]. Identichnost' genov ustoychivosti k rase G zarazikhi u liniy podsolnechnika raznogo proiskhozhdeniya // Maslichnye kul'tury. – 2021. – Vyp. 3 (187). – S. 3–9. DOI: 10.25230/2412-608X-2021-3-187-3-9.

Сведения об авторах

С.З. Гучетль, зав. лаб., вед. науч. сотр., канд. биол. наук
Т.С. Антонова, зав. лаб., гл. науч. сотр., д-р биол. наук
Н.М. Арасланова, вед. науч. сотр., канд. с.-х. наук
Т.А. Челюстникова, аналитик
Ю.В. Питинова, аналитик

Получено/Received

14.02.2022

Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed

21.02.2022

Получено после доработки/Manuscript revised

07.03.2022

Принято/Accepted

17.03.2022

Manuscript on-line

30.05.2022