

ПОПУЛЯЦИОННАЯ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ГЕНЕТИКА

ДНК-МАРКЕРЫ В ТЕОРЕТИЧЕСКОЙ И ПРИКЛАДНОЙ СЕЛЕКЦИИ

Б. А. Алоева, З. М. Айшаева

Кабардино-Балкарский государственный университет
имени Х. М. Бербекова, Нальчик
bella.aloeva@mail.ru, aishaeva@mail.ru

На сегодняшний день одно из наиболее перспективных направлений селекционных работ — разработка технологий ДНК-маркирования хозяйственно-ценных признаков. В селекции при помощи маркеров (MAS), в отличие от генной модификации, используются только природные комплексы генов, характерные для данного вида, присутствие этих комплексов в их геноме будет естественным и безопасным как для самого растительного организма, так и для человека потребляющего продукцию от него.

Классическими методами селекции создано огромное количество ценного селекционного материала. Селекционный процесс для однолетних культур может затянуться до 10, а для двулетних до 20 лет. Применение и интеграция новых технологий молекулярно-генетической оценки этого материала в селекционный процесс позволит значительно сократить время создания генотипов с заданными свойствами.

Использование морфологических и биохимических маркеров для характеристики особенностей растительного организма не может полностью исключить ошибок при идентификации генетического материала. Для подтверждения данных следует использовать методы молекулярного маркирования.

Работы по ДНК-маркированию плохо изученных видов целесообразнее начинать с RAPD-анализа (Random Amplified Polymorphic DNA). Эта методика наиболее информативна при изучении

молекулярно-генетического полиморфизма и воспроизводима в условиях разных лабораторий. Метод заключается в амплификации геномной ДНК объекта в ходе ПЦР со случайным одиночным праймером, обычно длиной 8–12 нуклеотидов.

Исходя из данных, нашедших отражение в научной литературе, были отобраны RAPD праймеры серии ОРА и ОРН длиной 10 нуклеотидов. Эти праймеры нами использованы для анализа полиморфизма самоопыленных линий и гибридов кукурузы. Самоопыленные линии были получены на кафедре генетики и селекции КБГУ и отсеlectionированы на двухпочатковость с применением химических мутагенов (нитрозоэтилмочевины и нитрозометилмочевины в разных концентрациях) [2]. У линий 4, 6, 8, 23, 28 и 30 среднее число початков с растения составляет 1,8–2,2. При анализе геномного полиморфизма необходимо просеять громадное число праймеров, чтобы в последующем отобрать подходящие последовательности для использования в маркировании конкретных признаков.

Первичные исследования по выявлению ДНК-полиморфизма линий и гибридов кукурузы и установлению степени их сходства и различий проводились в медико-биологическом центре КБГУ. Результаты амплификации выявили существенные различия на уровне нуклеотидных последовательностей между некоторыми образцами, а также удивительном сходстве ряда гибридов и линий из различных источников [1].

Использование ДНК-маркеров позволяет значительно сократить затраты труда, ускорить и удешевить селекционный процесс, а также контролировать перенос хозяйственно-ценных генов от одного организма другому [3]. Наиболее эффективными молекулярными маркерами являются те, которые основаны на характерных особенностях нуклеотидных последовательностей самих генов. Для разработки таких ДНК-маркеров необходимо выявить различия в структуре последовательностей ДНК локусов (генов) у форм растений отличающихся по проявлению признака.

ДНК-маркеры позволяют выявлять генетическое разнообразие на молекулярном уровне организации ДНК, на основе которой строятся все дальнейшие теоретические (филогения, изучение организации геномов) и прикладные (картирование, маркирование генов, генотипирование) исследования.

Литература

1. Алоева Б. А., Айшаева З. М., Паритов А. Ю., Керефова М. К. Анализ полиморфизма линий и гибридов кукурузы RAPD-методом // Известия КБГУ. 2011. Т. 1, № 2. С. 35–38.

2. Керефов К. Н., Керефова М. К. Селекция кукурузы в Кабардино-Балкарии // Изучение и опыт возделывания кукурузы в Кабардино-Балкарии : сб. ст. Нальчик, 2001. С. 71–80.

3. Francie E., Tacconi J., Crosatti C., Barabaschi D., Bulgarelli D., Dall'Aglia E. Marker assisted selection in crop plants // Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 2005. V. 82, № 3, P. 317–342.

THE DNA-MARKERS IN TRADITIONAL AND APPLIED BREEDING

B. A. Aloeva, Z. M. Ayshayeva

*Kabardino-Balkarian state university named
after Kh. M. Berbekov, Nalchik*

Summary. RAPD analysis of may selection lines of KBSU with the use of short primers with the length of 10 nucleotides has been made.

Datas of such kind can be used further in engineering the system of DNA-markers.

МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ СЕВЕРНЫХ ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ *ARABIDOPSIS THALIANA* (L.)

М. В. Грицких, О. М. Федоренко

Институт биологии Карельского научного центра

Российской академии наук, Петрозаводск

genmg@mail.ru

Микросателлитные последовательности относятся к тандемно организованным умеренным повторам ДНК про- и эукариотических геномов. Они характеризуются высокой скоростью спонтанного мутирования, в связи с чем поддерживают значительное аллельное разнообразие и являются быстро эволюционирующими. Дупликации генов приводят к избыточности, которая ослабляет давление отбора, в результате чего происходит накопление мутаций и, тем самым, создается основа для функциональной эволюции [1]. Все это позволяет использовать информацию об изменчивости микросателлитных локусов для анализа генетической структуры популяций. Здесь мы сообщаем о результатах исследования трех карельских популяций *Arabidopsis thaliana* — модельного объекта