



КубГАУ

Кубанский государственный  
аграрный университет



2021

год науки  
и технологий

# Генотипирование перспективных аборигенных сортов винограда Российской Федерации

Милованов А.В.,  
*научный сотрудник, канд. биол. наук,  
доцент кафедры виноградарства*





## ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

молекулярно-генетический анализ особенностей строения геномов аборигенных и интродуцированных сортов винограда с использованием маркеров, основанных на присутствии ретротранспозонных последовательностей в ядерном геноме.

Название	ДНК последовательность праймера (5'-3')
2374	CCCAGCAAACCA
2375	TCGCATCAACCA
2376	TAGATGGCACCA
2075	CTCATGATGCCA
2078	GCGGAGTCGCCA
2095	GCTCGGATACCA
2230	TCTAGGCGTCTGATACCA
2373	GAACTTGCTCCGATGCCA
2415	CATCGTAGGTGGGCGCCA
2074	GCTCTGATACCA

### Анализ полученных данных

планируется проводить *in silico* с использованием программ: MEGA 7, GenAlEx 6.3.

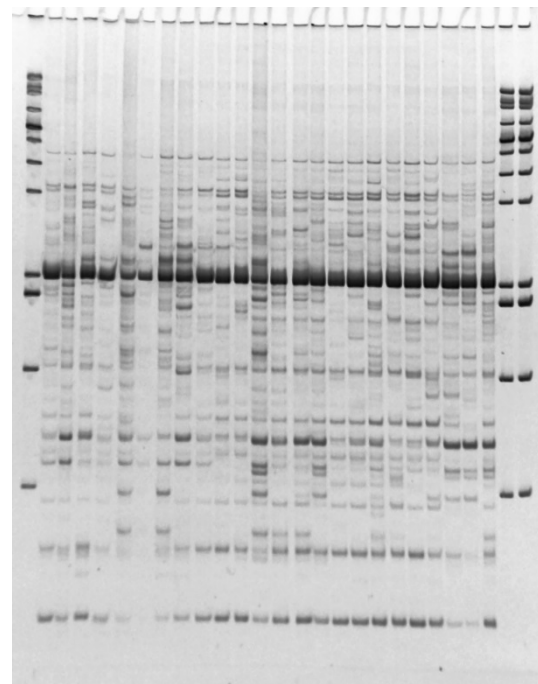




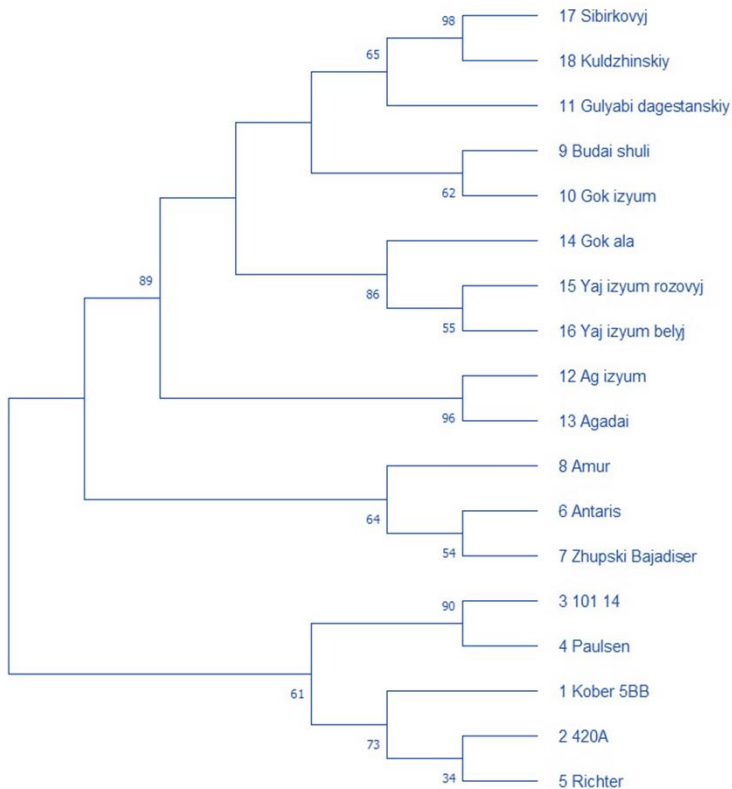
## Результаты наблюдаемого генетического разнообразия и оценки полос у интродуцированных и аборигенных сортов

№	Название	PN	NTI	TNB	PB	PPL (%)	NPB	Индекс Шеннона	Разнообразие
1	Кобер 5ББ	1	101	–	–	–	–	–	–
2	420А	1	113	–	–	–	–	–	–
3	101 14	1	101	–	–	–	–	–	–
4	Паульсен	1	130	–	–	–	–	–	–
5	Рихтер	1	103	548	304	55.43%	49	0.326	0.222
6	Антарис	2	127	–	–	–	–	–	–
7	Жупски Баядисер	2	97	–	–	–	–	–	–
8	Амур	2	105	329	115	35.10%	17	0.223	0.156
9	Будай шули	3	121	–	–	–	–	–	–
10	Гок изюм	3	131	–	–	–	–	–	–
11	Гюляби дагестанский	3	163	–	–	–	–	–	–
12	Аг изюм	3	127	–	–	–	–	–	–
13	Агадаи	3	137	–	–	–	–	–	–
14	Гок ала	3	144	–	–	–	–	–	–
15	Яй изюм розовый	3	153	–	–	–	–	–	–
16	Яй изюм белый	3	131	–	–	–	–	–	–
17	Сибирьковский	3	166	–	–	–	–	–	–
18	Кульджинский	3	166	1439	977	67.90%	96	0.343	0.225
–	Всего	–	2316	–	2241	96.77%	162	0.460	0.298

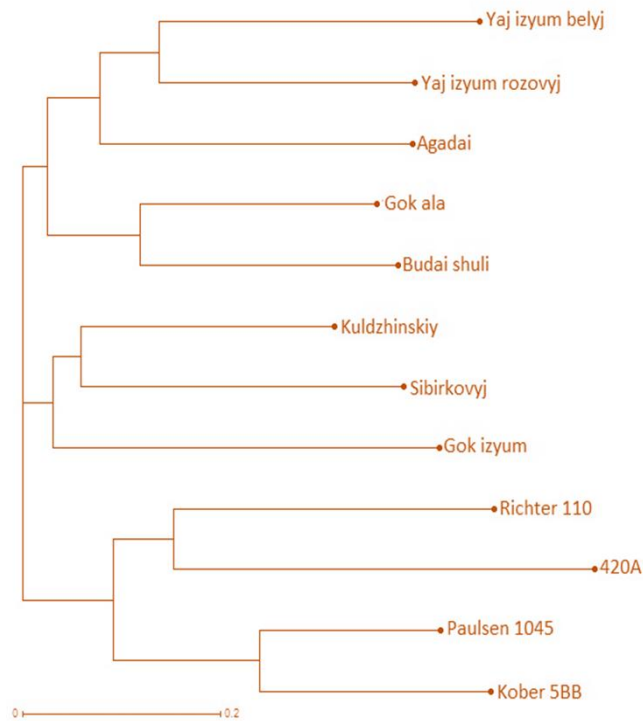
PN – численность популяции; NTI – количество амплифицированных полос на генотип; TNB – общее количество полос на популяцию; PB – количество полиморфных полос; PPL – процент полиморфных полос; NPB – количество частных бендов.



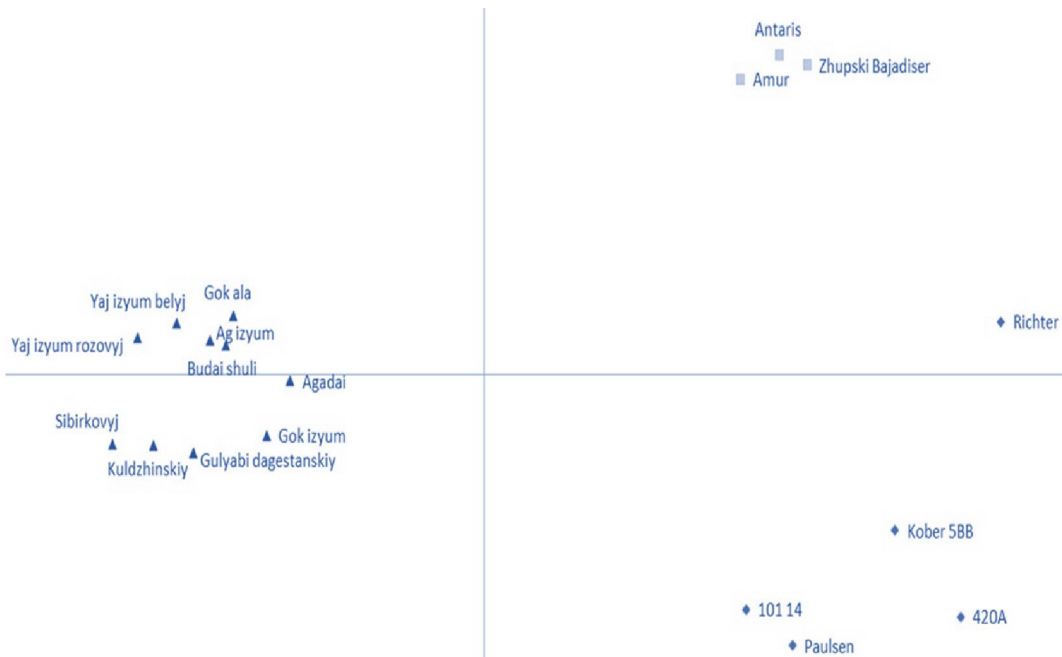
**Разделение продуктов амплификации маркера 2373**



Древо, построенное с помощью программы MEGA X методом максимального сходства



Древо, построенное с помощью программы DARWin 6.0 методом Weighted Neighbor-Joining








**Анализ главных компонент, построенный на основе набора ретротранспозонных маркеров**



**Анализ главных компонент, построенный на основе набора SSR маркеров**



## ВЫВОДЫ

-  1 Впервые было выполнено изучение аборигенных, интродуцированных и подвойных сортов винограда, содержащихся в анапской зональной ампелографической коллекции Российской Федерации с использованием маркеров, основанных на ретротранспозонных последовательностях, мобильных ДНК элементов;
-  2 Впервые было проведено изучение филогенетических связей между исследуемыми редкими образцами ампелографической коллекции, были проведены анализ главных компонент и кластеризация изученных генотипов внутри сравниваемых популяций;
-  3 Для групп изученных сортов были проведены анализы частот встречаемости аллелей в популяциях, анализ молекулярно-генетического разнообразия, рассчитаны генетические расстояния как между генотипами, так и между популяциями, в целом, а также проведен анализ главных компонент;
-  4 В результате работы были подтверждены предполагаемые взаимоотношения между исследованными генотипами. В частности, как и предполагалось, было подтверждено близкое родство таких генотипов как Яй изюм розовый и Яй изюм белый, Агадаи и Гок изюм.
-  5 В результате работы нами были выявлены также и неожиданные связи между образцами. В частности, нами была выявлена связь между такими сортами как Сибирьковский и Кульджинский, которая подтвердилась как и по результатам анализа с использованием ретротранспозонов, так и с использованием микросателлитных маркеров.



**БЛАГОДАРЮ ЗА ВНИМАНИЕ!**



Кубанский государственный  
аграрный университет

*научный сотрудник, к.б.н., доцент кафедры  
виноградарства А.В. Милованов*

350044, Россия, г. Краснодар, ул. Калинина, 13