

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РОДСТВА RAPD – МЕТОДОМ МЕЖДУ СОРТАМИ И ВИДАМИ ЖИМОЛОСТИ (*LONICERA L.*) КОЛЛЕКЦИИ БОТАНИЧЕСКОГО САДА ВИЛЬНЮССКОГО УНИВЕРСИТЕТА

Д. Наугжемис, С. Жилинскайте, Д. Жвингила

Ботанический сад и Кафедра ботаники и генетики Вильнюсского университета, Вильнюс, Литва, +37052317911, silva.zilinskaite@gf.vu.lt

Одним из центров интродукции и распространения голубой жимолости в Литве является Ботанический сад Вильнюсского университета. Исследование голубой жимолости проводилось в рамках Литовской государственной научной программы "Научное исследование генетических ресурсов растений Литвы" (2004-2008 г.). Коллекция жимолости Отдела помологии Ботанического сада Вильнюсского университета включает в себя 8 вида, 4 подвида, 28 сортов и 36 генетических линий. Виды и сорта были получены в основном из Всероссийского Института Растениеводства им. Н.И. Вавилова (ВИР) и Калининградского государственного университета.

Коллекция жимолости Ботанического сада начата изучать RAPD-PCR методом в 2005 году. В начале была проведена оценка генетического родства 34 оригинальных генетических линий и 9 сортов - стандартов. На данном этапе исследований внимание уделено видам и сортам.

Цель исследований. Установить генетическое родство между видами, подвидами и сортами с помощью молекулярных маркеров.

Материал и методы. Исследовали 28 сортов, 8 видов и 4 подвида жимолости. Для изучения генетического родства между образцами был использован метод маркирования генетического материала путем амплификации ДНК с произвольными праймерами (RAPD-PCR). Было использовано 10 эффективных произвольных декамерных праймеров. Для количественной оценки RAPD-полиморфизма и определения уровня дивергенции между изученными образцами, полученные данные были представлены в виде матрицы состояний бинарных признаков, у которых наличие или отсутствие в RAPD-спектрах одинаковых по размеру ампликонов рассматривалось как состояние 1 и 0 соответственно. По матрицам состояний было рассчитано матрицы различий.

Результаты и обсуждение. На основе матрицы невзвешенным парно-групповым методом кластерного анализа с арифметическим усреднением (UPGMA) была построена дендрограмма образцов жимолости (рис. 1 и 2). Уровень различий по величине расстояния UPGMA между исследуемыми образцами варьирует от 0,08 (между *L. emphyllocalyx* и *L. caerulea*) до 0,4 (между *L. chrysantha* и пары *L. xylosteum* и *L. orientalis*) (рис. 1). Виды *L. edulis* и *L. bozchkarnikowae*, подвиды subsp. *pallasii* и subsp. *altaica* слабо генетически обособлены друг от друга. По данным RAPD-анализа виды дифференцированы, несмотря на некоторую степень гомологии как по количеству, так и по размерам фрагментов. Из полученной дендрограммы видно, что все образцы составляют два больших кластера. Первый кластер составляют виды и подвиды голубой

жимолости, которые служат как изначальный материал для создания сортов. Другой кластер составляют 4 вида жимолости: *L. venulosa*, *L. chrysantha*, *L. xylosteum*, *L. orientalis*. Вид *L. xylosteum* был включен в исследование как единственный представитель естественной флоры Литвы.

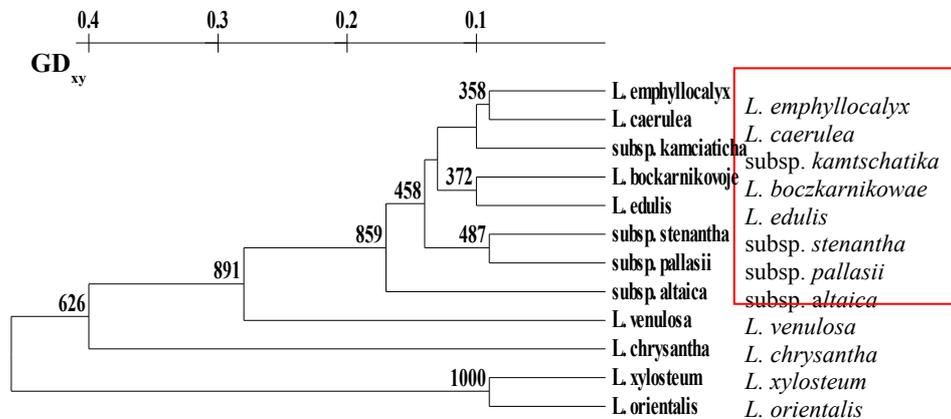


Рис. 1. Дендрограмма, построенная методом UPGMA, для объединенной выборки образцов из видов и подвидов жимолости по данным RAPD. Цифры над узлами дерева показывают уровень статистической поддержки ветвления для UPGMA реконструкций.

Как следует из представленной дендрограммы сортов жимолости (рис. 2), наиболее близкими сортами являются пары 'Julia' и 'Bugristaja', 'Desertnaja' и

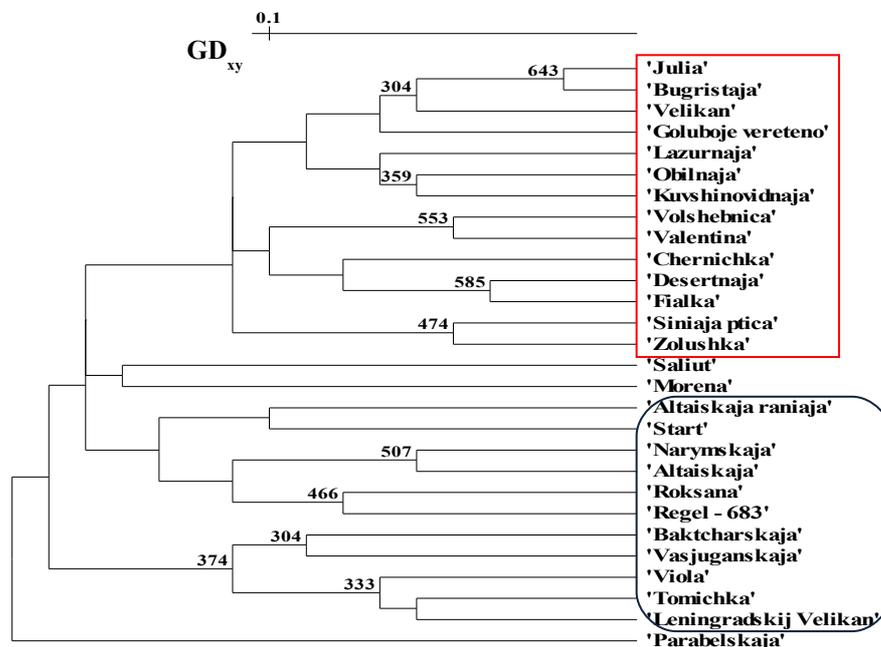


Рис. 2. Дендрограмма, построенная методом UPGMA, для объединенной выборки образцов из сортов жимолости по данным RAPD. Цифры над узлами дерева показывают уровень статистической поддержки ветвления для UPGMA реконструкций.

'Fialka', 'Siniaja ptica' и 'Zolushka', 'Narymskaja' и 'Altaiskaja', 'Tomicka' и 'Leningradskij Velikan'. Наиболее удалены в генетическом отношении сорта 'Saliut' и 'Morena'. Особой индивидуальностью выделяется сорт 'Parabelskaja'. Большинство изученных сортов объединяются в два крупных кластера: в одном 14 сортов, в другом - 11 сортов.

Заключение. Было показано, что метод молекулярного маркирования генома на основе RAPD-PCR позволяет установить генетические взаимоотношения между исследованными видами и сортами жимолости. Было определено генетическое расстояние между 28 сортами, 8 видами и 4 подвидами жимолости.

Полученные данные могут быть использованы как для более целенаправленной селекции, так и для решения проблематики таксономии жимолости.