

# МОЛЕКУЛЯРНАЯ БАЗА ДАННЫХ СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ОБЪЕКТОВ *BETA VULGARIS* L.

**Т.П. Федулова**, доктор биологических наук

**А.В. Моисеенко, Е.А. Слепокурова**

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»

e-mail: e-mail@biotechnologiya.ru

**Аннотация.** Представлена электронная база данных, созданная по результатам молекулярных анализов в программе IC, адаптированной для работы с генетическими последовательностями. Разработанная молекулярная база данных включает генетические паспорта 120 актуальных селекционно-ценных генотипов сахарной свеклы (МС форм, сростноплодных опылителей ОП, ДН-линий, гибридов F1, коммерческих гибридов); рекомендации по эффективному подбору родительских пар для гибридизации (66 комбинаций) с учетом их генетической дивергенции. Созданная база данных содержит информацию о специфических праймерах (32 пары) и выделенных с их использованием селекционных образцах, устойчивых к цветущности (3 генотипа), засухе/засолению (5 генотипов), фузариозу (1 генотип), гетероде-розу (1 генотип), 49 МС форм и 4 О-типа.

**Ключевые слова:** сахарная свекла, молекулярные маркеры, база данных, молекулярно-генетические паспорта, гибридизация.

Успех биологических и генетических исследований сельскохозяйственных растений в значительной степени определяется правильным выбором исходного образца для селекции. Инбредные линии являются удобным объектом для генетических и селекционных исследований. Серии изогенных линий создаются на основе единого генотипа (сорта) и отличаются от него по одному гену или небольшому числу тесно сцепленных генов. Генетическое единообразие изогенных линий позволяет определить вклад маркирующего признака в формирование урожая сельскохозяйственных культур. В этой связи всестороннее молекулярно-генетическое изучение селекционно-генетических объектов сельскохозяйственных растений и сахарной свеклы, в частности, является актуальным направлением. В последние годы значительный прогресс в молекулярной биологии и геномных технологиях привел к экспоненциальному росту объема биологической

информации. В связи с потоком геномной информации параллельно растет спрос на инструменты для хранения данных и управления ими, а также на разработку программного обеспечения для анализа, визуализации, моделирования и прогнозирования больших массивов молекулярно-генетических данных [1].

Перспективной и актуальной задачей в селекционной практике является создание объединенной базы (БД) молекулярных данных, описывающей генетические коллекции растений сахарной свеклы. В эту БД могут быть включены данные по инбредным линиям, коллекциям мутантов, коллекции образцов, несущих генетические маркеры, описание районированных коммерческих гибридов.

Еще в первые десятилетия развития генетики стало понятно, что генетические маркеры могут быть полезными при анализе сложных признаков. Однако низкая встречаемость и ряд других недостатков не позволили классическим генетическим маркерам, а впоследствии и белковым маркерам широко войти в селекционную практику [2]. Последнее поколение генетических маркеров (молекулярные, или ДНК-маркеры) характеризуется более высокой частотой встречаемости в геноме и основано на универсальных, а значит – широко востребованных и постоянно развивающихся методах анализа. Это стало залогом бурного развития направлений генетики и селекции сахарной свеклы, связанных с использованием ДНК-маркеров [3–6]. Вместе с тем, обобщающей молекулярно-генетической базы данных генофонда сахарной свеклы в Российской Федерации нет.

На основе многолетних экспериментальных данных нами проведена работа по сбору, анализу, систематизации и вводу в компьютерную базу данных информации по молекулярно-генетической структуре генофонда растений сахарной свеклы, сохраняемых и создаваемых в коллекциях ФГБНУ «ВНИИСС имени А.Л. Мазлумова». Подготовлен дескриптор-

Таблица 1. ДНК-паспорта селекционно-ценных генотипов сахарной свеклы

Пин	Наименование	Происхождение	Генотип	Характеристика	Генотипирование
2019.01	2019.01	Лаборатория ЦМС	F1 18084	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.02	2019.02	Лаборатория ЦМС	ОП 18085	ОП	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.03	2019.03	Лаборатория ЦМС	MC 17070	MC	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.04	2019.04	Лаборатория ЦМС	F1 18092	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.05	2019.05	Лаборатория ЦМС	ОП 18094	ОП	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.06	2019.06	Лаборатория ЦМС	F1 18093	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.07	2019.07	Лаборатория ЦМС	MC 16058	MC	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.08	2019.08	Лаборатория ЦМС	F1 18103	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.09	2019.09	Лаборатория ЦМС	ОП 18105	ОП	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.10	2019.10	Лаборатория ЦМС	F1 18104	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.11	2019.11	Лаборатория ЦМС	MC 18002	MC	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.12	2019.12	Лаборатория ЦМС	F1 18106	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.13	2019.13	Лаборатория ЦМС	ОП 18108	ОП	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.14	2019.14	Лаборатория ЦМС	MC 18039	MC	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.15	2019.15	Лаборатория ЦМС	F1 18107	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.16	2019.16	Лаборатория ЦМС	MC 11017	MC	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524
2019.17	2019.17	Лаборатория ЦМС	F1 18079	F1	Unigene: 26753, 24552, 2305, 17623, 14805, 62524

ный лист для внесения информации в базу данных. Собрана информация для формирования генетической паспортной части базы данных по имеющемуся генофонду растений сахарной свеклы. Проведена работа по обобщению и системному анализу поступившего селекционно-ценного материала генофонда *Beta vulgaris* L. Представленная и разработанная нами электронная база данных направлена на создание нового подхода к оценке и рациональному использованию генетических ресурсов ценной технической

культуры – сахарной свеклы, а именно: на выявление внутривидовой генетической изменчивости селекционно значимых признаков и поиск генов-кандидатов для селекции посредством сочетания методов фенотипирования, геномики и биоинформатики.

Актуальность предложенной электронной базы данных заключается в создании методической основы для ускорения селекционного процесса и снижения трудоемкости селекционных работ такой стратегически важной в обеспечении продовольственной безо-

Таблица 2. Специфические праймеры для сахарной свеклы

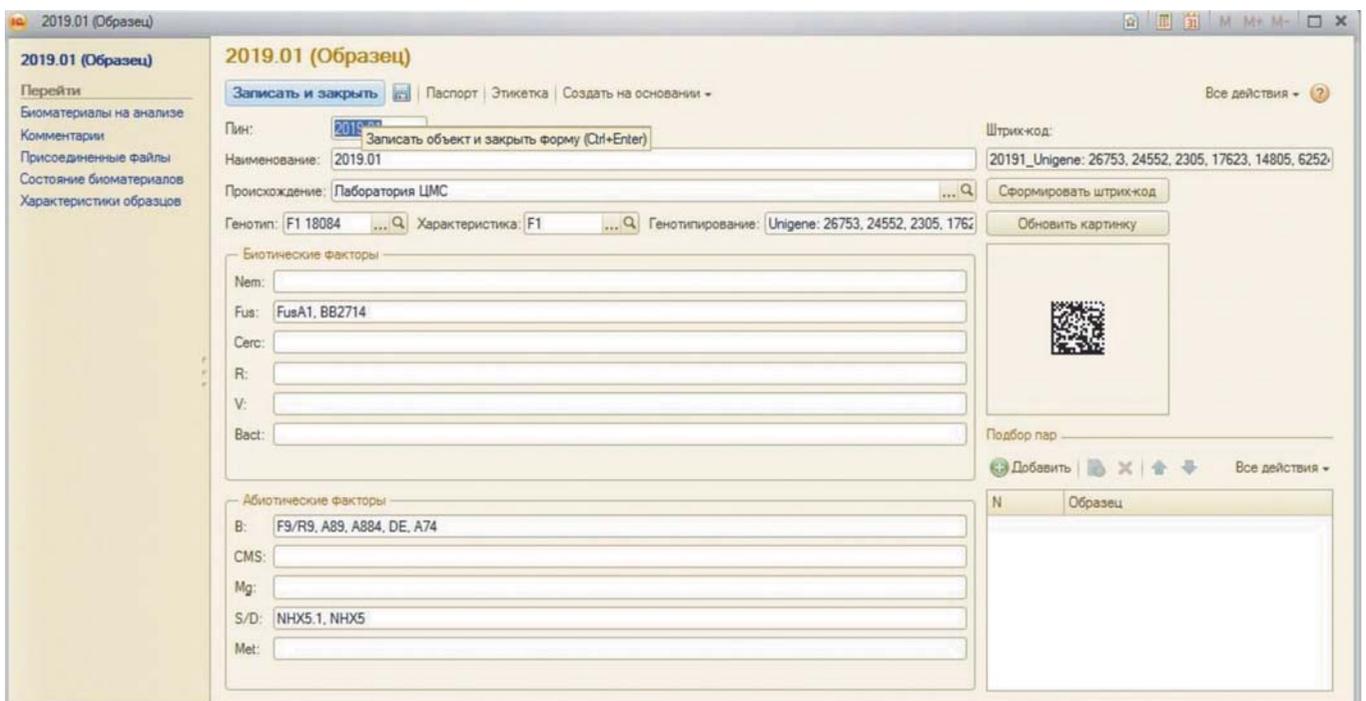


Таблица 3. Молекулярно-генетические паспорта селекционно-ценных линий сахарной свеклы

	1.300	2.300	3.250	4.200	5.100	6.200	6.400	6.600	6.700	6.800	6.1000	6.1500	6.200	7.150	7.200	7.400	7.500	7.700	7.800	7.1000	7.2000	7.2100	7.2500	8.120	8.150	8.250	8.300	8.350	8.500	8.600	8.700	8.1000	8.1500	9.150	9.200	9.250	9.350	9.400	9.500	9.700	9.800	9.1500	9.2200	10.150	10.350	10.400	10.700	10.1500	10.2100	10.2200			
1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
2	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	
3	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	
4	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	
5	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	
6	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		
7	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1		
8	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	
9	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
10	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0		
11	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0		
12	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	
13	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0		
14	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1		
15	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0		
16	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0			

**Обозначения.**

**По горизонтали:** SSR-праймеры с размерами идентифицированных ДНК-фрагментов: 1 – Unigene 17623; 2 – Unigene 14805; 3 – Unigene 7492; 4 – Unigene 27833; 5 – Bv23; 6 – FD 1002; 7 – BQ 584493; 8 – Sb15; 9 – Sb04; 10 – BQ585656.

**По вертикали:** селекционные материалы: 1–8 – МС, 9–16 – ОП.

пасности страны культуры, как сахарная свекла.

Известно, что важнейшей частью любой долгосрочной стратегии селекции является выбор исходного материала и выявление новых источников генетической изменчивости. Эти источники могут быть найдены среди диких родичей и староместных сортов культуры. Однако поиск таких источников в коллекциях гермоплазмы, состоящих из нескольких тысяч образцов, посредством полевой и лабораторной оценки очень трудоемкий и требует больших затрат времени. Современные молекулярные технологии значительно ускоряют этот процесс. Эффективное использование генетической изменчивости, сохраняемой в коллекциях генбанков, становится насущной необходимостью для расширения генетической основы создаваемых современных гетерозисных гибридов. В нашем проекте впервые для генофонда сахарной свеклы предполагается сочетать достижения современной геномики, фенотипические данные и методы анализа больших массивов данных для расшифровки генетической природы селекционно-значимых признаков.

По результатам проведенных нами молекулярных анализов в программе IC, адаптированной для рабо-

ты с генетическими последовательностями, создана электронная база данных. Она включает генетические паспорта 120 актуальных селекционно-ценных генотипов сахарной свеклы (МС форм, сростноплодных опылителей ОП, ДН-линий, гибридов F1, коммерческих гибридов); рекомендации по эффективному подбору родительских пар для гибридизации (66 комбинаций) с учетом их генетической дивергенции. База данных содержит информацию о специфических праймерах (32 пары) и выделенных с их использованием селекционных образцах, устойчивых к цветущности (3 генотипа), засухе/засолению (5 генотипов), фузариозу (1 генотип), гетеродерозу (1 генотип), 49 МС форм и 4 О-типа (табл. 1).

Также нами были выявлены специфические праймеры к генам устойчивости растений сахарной свеклы к биотическим и абиотическим факторам, нуклеотидные последовательности которых также представлены в созданной БД (табл. 2).

Предложенная нами база генетических данных будет способствовать ускоренному отбору оптимальных родительских форм сахарной свеклы для скрещиваний.

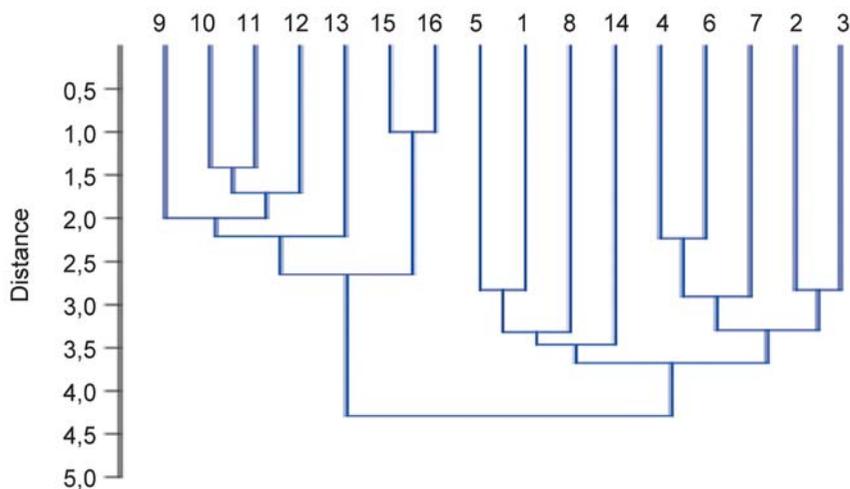


Рисунок. Генетические взаимоотношения селекционных образцов на основе межгрупповых связей (по Unigenes)

Обозначения: 1–8 – МС формы, 9–16 – сростноплодные опылители ОП.

На основе выявленных аллелей микросателлитных локусов рассчитывается матрица генетической дивергенции исследованных генотипов сахарной свеклы, которая позволяет строить дендрограмму генетических взаимоотношений изученных селекционных материалов (рис.).

В любой работе часто возникает необходимость корректировки имеющейся структуры данных. Разработанная нами система позволяет добавлять и изменять существующие поля. Для этого необходимо описать название и тип поля, указать обязательность его заполнения, включение в поиск и описать шаблон представления на экране.

Таким образом, результаты проведенной работы по созданию электронной базы данных будут способствовать ускорению селекционного процесса сахарной свеклы и снижению трудоемкости селекционных работ. Совершенно очевидно, что для создания продуктивных гибридов, адаптированных к условиям окружающей среды и сельскохозяйственной практики, устойчивых к патогенам и абиотическим стрессорам, включающим колебания климата, необходимы новые парадигмы селекции, основанные на молекулярных технологиях, которые были реализованы в данной базе.

#### Список использованной литературы

1. Tan, Y.C. Bioinformatics approaches and applications in plant biotechnology / Y.C. Tan, A.U. Kumar, P. Wong, K. Ling // J. Genet. Eng. Biotechnol. - 2022. - 20:106.

2. Хлесткина, Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции. - 2013. - Т. 17. - № 4/2. - С. 1044-1054.

3. Garin, V. The influence of QTL allelic diversity on QTL detection in multi-parent populations: a simulation study in sugar beet / V. Garin, V. Wimmer // BMC Genomic Data. - 2021. - 22:4.

4. Taguchi, K. Genetic and phenotypic assessment of sugar beet (*Beta vulgaris* L. subsp. *vulgaris*) elite inbred lines selected in Japan during the past 50 years / K. Taguchi, Y. Kuroda, K. Okazaki, M. Yamasa // Breeding Science. - 2019. - 69: 255-265.

5. Pegot-Espagnet, P. Discovery of interesting new polymorphisms in a sugar beet (elite exotic) progeny by comparison with an elite panel / P. Pegot-Espagnet, O. Guillaume, B. Desprez, B. Devaux, P. Devaux // Theoretical and Applied Genetics. - 2019. - 132:3063-3078.

6. Samathmika, R. Development of an SNP Assay for Marker-Assisted Selection Soil-Borne *Rhizoctonia solani* AG-2-2-IIIB Resistance in Sugar Beet / R. Samathmika, M. Hassani, B. Heidari, S. Deb, P. Stevanato // Biology. - 2022. - 11-49.

#### Molecular database of breeding and genetic objects of *Beta vulgaris* L.

T.P. Fedulova, A.V. Moiseenko, E.A. Slepokurova

**Summary.** An electronic database created based on the results of molecular analyzes in the IC program, adopted for working with genetic sequences is presented. The developed molecular database includes genetic passports of 120 relevant selection-valuable genotypes of sugar beet (MS forms, fertile pollinators of OP, DH-lines, F1 hybrids, commercial hybrids); recommendations for effective selection of parent pairs for hybridization (66 combinations) taking into account their genetic divergence. The created database contains information on specific primers (32 pairs) and selected samples with their use, resistant to color (3 genotypes), drought/salinity (5 genotypes), fusariosis (1 genotype), heteroderosis (1 genotype), 49 MS forms and 4 O-types.

**Key words:** sugar beet, molecular markers, database, molecular genetic passports, breeding.