

# ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ И ПРИКЛАДНЫХ ПРОБЛЕМ

Научная статья  
УДК 634.21 (575.22)  
DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-176-185



## Анализ генетических взаимосвязей селекционных форм *Prunus armeniaca* L. из коллекции генофонда Горного ботанического сада Дагестана

Д. М. Анатов<sup>1</sup>, И. И. Супрун<sup>2</sup>, И. В. Степанов<sup>2</sup>, Р. М. Османов<sup>1</sup>, С. В. Токмаков<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Дагестанский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Горный ботанический сад – обособленное подразделение ДФИЦ РАН, Махачкала, Россия

<sup>2</sup> Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, Россия

Автор, ответственный за переписку: Джалалудин Магомедович Анатов, [djalal@list.ru](mailto:djalal@list.ru)

**Актуальность.** Для Дагестана характерна давняя традиция возделывания абрикоса, сформировавшая уникальный генофонд культуры. К сожалению, до сих пор селекционный потенциал местных сортов абрикоса в Дагестане слабо изучен. Данный факт актуализирует исследования дагестанской генплазмы абрикоса.

**Материалы и методы.** В настоящей работе осуществлена генетическая оценка материала дагестанской селекции, включающего 23 формы и пять сортов абрикоса. Все образцы условно разделили на 4 группы по происхождению («Краснощекого», «Крымского Медунца», «Шалаха», «Бухары»). Анализ генетического разнообразия селекционных образцов проводили с использованием 11 SSR-маркеров. Всего в сумме по всем использованным в работе маркерам получено 43 аллели. Полиморфизм SSR-маркеров варьировал от 2 до 8 аллелей на локус (в среднем 5 аллелей на локус). Эффективное число аллелей ( $N_e$ ) и индекс разнообразия Шеннона ( $I$ ) демонстрировали низкие значения для выборки образцов, что характерно для сеянцев, имеющих в происхождении общие родительские формы. Различия между самыми контрастными группами для значений  $N_e$  и  $I$  незначительно.

**Результаты.** Комплексное изучение коллекции абрикоса показало большое количество гетерозигот у сеянцев относительно ожидаемых значений, что указывает на сильную генетическую отдаленность подобранных для скрещивания родительских пар. Наибольшей гетерозиготностью обладали сеянцы от скрещивания сортов 'Крымский Медунец' × 'Краснощекий', 'Краснощекий' × 'Крымский Медунец', 'Крымский Медунец' × 'Хонобах'.

**Заключение.** Кластеризация образцов методом главных координат и байесовским анализом на основе данных генотипирования позволила выявить общие закономерности распределения сортов и генотипов, а именно концентрацию сеянцев рядом с их материнскими родителями. Установлено различное генетическое происхождение для двух генотипов, относимых к сорту 'Бухара'. Задействованные в работе SSR-маркеры проявили себя как надежный инструмент генотипирования в рамках изученной культуры.

**Ключевые слова:** маркеры, SSR, *Prunus armeniaca* L., Дагестан, генетическое разнообразие

**Благодарности:** настоящая работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 19-34-50092 мол\_нр. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

**Для цитирования:** Анатов Д.М., Супрун И.И., Степанов И.В., Османов Р.М., Токмаков С.В. Анализ генетических взаимосвязей селекционных форм *Prunus armeniaca* L. из коллекции генофонда Горного ботанического сада Дагестана. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(4):176-185. DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-176-185

# IDENTIFICATION OF THE DIVERSITY OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES FOR SOLVING FUNDAMENTAL AND APPLIED PROBLEMS

Original article

DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-176-185

## Analysis of genetic relationships in the breeding material of *Prunus armeniaca* L. from the collection of the Mountain Botanical Garden, Dagestan

Dzhalaludin M. Anatov<sup>1</sup>, Ivan I. Suprun<sup>2</sup>, Ilya V. Stepanov<sup>2</sup>, Ruslan M. Osmanov<sup>1</sup>, Sergey V. Tokmakov<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Dagestan Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Mountain Botanical Garden – a separate division of the DFRC RAS, Makhachkala, Russia

<sup>2</sup> North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, Krasnodar, Russia

**Corresponding author:** Dzhalaludin M. Anatov, [djalal@list.ru](mailto:djalal@list.ru)

**Background.** Dagestan boasts a long tradition of apricot cultivation that resulted in a unique gene pool of this fruit tree. However, the potential of local apricot cultivars for breeding still remains poorly investigated. This fact validates the need for further research into apricot genetic resources in Dagestan.

**Materials and methods.** The local breeding material of apricot (23 forms and 5 cultivars) underwent genetic evaluation. For convenience, all accessions were divided into 4 groups according to the origin of cvs. 'Krasnoshchekiy', 'Krymskiy Medunets', 'Shalakh', and 'Bukhara'. Their genetic diversity was analyzed using 11 SSR markers. Polymorphism of SSR markers varied 2 to 10 alleles per locus (on average, 5 alleles per locus). The effective number of alleles ( $N_e$ ) and the Shannon Diversity Index ( $I$ ) showed low values for the set of accessions, which is typical for seedlings with shared parental forms in their pedigrees. The differences in  $N_e$  and  $I$  values between the most contrasting groups were insignificant:  $N_e = 2.719$  and  $I = 1.085$  for the Shalakh group versus  $N_e = 2.014$  and  $I = 0.782$  for the Krasnoshchekiy group.

**Results.** A comprehensive study of the apricot collection showed greater numbers of heterozygotes in hybrid seedlings than the expected values, attesting to large genetic distances between the pairs of parents selected for crosses. The highest heterozygosity was observed in the seedlings from the crosses 'Krymskiy Medunets' × 'Krasnoshchekiy', 'Krasnoshchekiy' × 'Krymskiy Medunets', and 'Krymskiy Medunets' × 'Khonobakh'.

**Conclusion.** Clustering the accessions with the principal coordinates analysis and Bayesian analysis on the basis of their genotyping data made it possible to identify general patterns in the distribution of cultivars and seedlings, namely the concentration of seedlings next to their maternal parents. Two genotypes attributed to cv. 'Bukhara' were found to have different genetic origin.

**Keywords:** markers, SSR, *Prunus armeniaca* L., Dagestan, genetic diversity

**Acknowledgements:** this study was conducted with financial support from the Russian Foundation for Basic Research, Grant No. 19-34-50092 mol\_nr.

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

**For citation:** Anatov D.M., Suprun I.I., Stepanov I.V., Osmanov R.M., Tokmakov S.V. Analysis of genetic relationships in the breeding material of *Prunus armeniaca* L. from the collection of the Mountain Botanical Garden, Dagestan. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(4):176-185. DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-176-185

## Введение

Абрикос является одной из важнейших плодовых культур. Культурные сорта абрикоса в основном представлены видом *Prunus armeniaca* L. (абрикос обыкновенный). К главным центрам выращивания абрикоса можно отнести страны Центральной, Восточной и Передней Азии, а также некоторые районы Европы, Северной Америки, Южной Африки и Австралии. В России основные насаждения абрикоса сосредоточены на юге: Республика Дагестан, Чеченская Республика, Ингушетия, Кабардино-Балкарская Республика, Ростовская область, Крым, Краснодарский и Ставропольский края (Smykov, 1989; Gorina, 2010; Dragavtseva et al., 2019;), из них наибольшие площади рентабельного производства – в Дагестане (Results of the All-Russian ..., 2018).

Абрикос в Дагестане в своем ассортименте насчитывает более сотни местных форм и сортов. Коллекция абрикоса Горного ботанического сада Дагестанского федерального исследовательского центра Российской академии наук (ДФИЦ РАН) представляет собой богатый генофонд, насчитывающий более 200 сортов, форм и гибридов, относящихся по происхождению к различным эколого-географическим группам, в основном к дагестанской региональной подгруппе, которые активно используются в селекционных работах (Gaziev et al., 2009; Asadulaev et al., 2020). Значимость данной работы определяется тем, что задействован ценный и наиболее перспективный селекционный генофонд, созданный и прошедший оценку по фенотипическим признакам в Дагестане, являющемся главным производителем абрикоса на территории Российской Федерации.

Одна из важнейших фундаментальных научных задач в исследованиях генофондов культурных растений – изучение генетических взаимосвязей коллекций и определение уровня их генетического разнообразия на осно-

ве данных анализа геномного полиморфизма исследуемых образцов (сортов, сибсов, полусибсов). Это позволяет более эффективно проводить мобилизацию генетических ресурсов для решения селекционных задач и повышать эффективность работы по пополнению генофонда с учетом данных об уровне генетического разнообразия коллекции и ее генетической структуре.

В работах, направленных на изучение генофонда абрикоса, SSR-маркеры зарекомендовали себя как надежный инструмент молекулярно-генетического анализа. К настоящему времени накоплен большой материал в процессе исследования коллекций абрикоса. Эффективность маркеров продемонстрирована в ряде работ на протяжении последних 20 лет. Осуществленные на больших выборках работы дали возможность установить основные маршруты распространения культуры абрикоса, в том числе и оценить генетическое разнообразие генплазм в локальных генофондах абрикоса, включая Россию (Normaza, 2002; Lopes et al., 2002; Romero et al., 2003; Zhebentyayeva et al., 2003; Messina et al., 2004; Sanchez-Perez et al., 2005; Yilmaz et al., 2012; Yilmaz, Gurcan, 2012; Krichena et al., 2014; Raji et al., 2014; Stepanov et al., 2019; Bourguiba et al., 2020; Anatov et al., 2022).

*Цель данной работы* – анализ генетической структуры селекционного материала абрикоса Горного ботанического сада ДФИЦ РАН, определение уровня генетического разнообразия и выяснение генеалогических отношений между родительскими формами и их потомством.

## Материалы и методы

Объем выборки составил 28 образцов абрикоса из коллекции Горного ботанического сада ДФИЦ РАН, представляющих особый интерес для селекции в регионе (табл. 1). В качестве генетического материала взята коллекция сеянцев от свободного скрещивания таких пер-

**Таблица 1. Образцы абрикоса, отобранные для генотипирования**

**Table 1. Apricot accessions selected for genotyping**

Генотипы / Genotypes	Сокращение / Abbreviation
<b>Группа «Краснощечкого» / The Krasnoshchekiy group</b>	
с. Краснощечкий / cv. Krasnoshchekiy	Krasnoshch
Краснощечкий × Крымский Медунец 1 / Krasnoshchekiy × Krymskiy Medunets 1	KrshXMdnc 1
Краснощечкий × Крымский Медунец 2 / Krasnoshchekiy × Krymskiy Medunets 2	KrshXMdnc 2
Краснощечкий × Крымский Медунец 3 / Krasnoshchekiy × Krymskiy Medunets 3	KrshXMdnc 3
Краснощечкий × Крымский Медунец 4 / Krasnoshchekiy × Krymskiy Medunets 4	KrshXMdnc 4
Краснощечкий × Крымский Медунец 5 / Krasnoshchekiy × Krymskiy Medunets 5	KrshXMdnc 5
Хибил Баквалев × Краснощечкий / Khibil Bakvaleb × Krasnoshchekiy	KBakXKrsh
<b>Группа «Крымского Медунца» / The Krymskiy Medunets group</b>	
с. Крымский Медунец / cv. Krymskiy Medunets	Medunetc
Крымский Медунец × Краснощечкий 1 / Krymskiy Medunets × Krasnoshchekiy 1	MdncXKrsh 1
Крымский Медунец × Краснощечкий 2 / Krymskiy Medunets × Krasnoshchekiy 2	MdncXKrsh 2
Крымский Медунец × Хонобах 1 / Krymskiy Medunets × Khonobakh 1	MdncXKh 1
Крымский Медунец × Хонобах 2 / Krymskiy Medunets × Khonobakh 2	MdncXKh 2
С-ц Крымского Медунца (ГЭБ) / Sdl. of Krymskiy Medunets (GEB)	S.Mdnc

Таблица 1. Окончание

Table 1. The end

Генотипы / Genotypes	Сокращение / Abbreviation
<b>Группа «Шалаха» / The Shalakh group</b>	
с. Шалах / cv. Shalakh	Shalakh
С-ц Шалаха № 1 / Sdl. of Shalakh No. 1	S.Shalah 1
С-ц Шалаха № 2 / Sdl. of Shalakh No. 2	S.Shalah 2
ф. Чугли 295 / f.*** from Chugli	295
ф. Чугли 298 / f. from Chugli 298	298
ф. Чугли 362 / f. from Chugli 362	362
ф. Чугли 285 / f. from Chugli 285	285
ф. Чугли 289 / f. from Chugli 289	289
ф. Чугли 293 / f. from Chugli 293	293
ф. Чугли 290 / f. from Chugli 290	290
<b>Группа «Бухара» / The Bukhara group</b>	
с. Бухара (Кулибухна) / cv. Bukhara (Kulibukhna)	Bukhara(Kul)
с. Бухара (Хаджалмахи) / cv. Bukhara (Khadjalmakhi)	Bukhara(Khadz)
С-ц Бухары (Хиндах) / Sdl. of Bukhara (Khindakh)	S.Bukhara
С-ц Бухары № 1 / Sdl. of Bukhara No. 1	S.Bukhar 1
С-ц Бухары № 2 / Sdl. of Bukhara No. 2	S.Bukhar 2

Примечание: с. – сорт; С-ц – сеянец от свободного опыления; ф. – формы абрикоса из Чугли  
 Note: cv. – cultivar; Sdl. – seedling from open pollination; f. – apricot form from Chugli

спективных для разведения в регионе сортов абрикоса, как 'Краснощекий', 'Крымский Медунец', 'Шалах' и 'Бухара'. Четыре указанных сорта имеют различное происхождение. Так, сорт 'Шалах' происходит из Закавказья и является сортом народной селекции Армении (Kostina, 1936). Сорт 'Краснощекий' – восточно-европейского происхождения, имеет ряд клонов, незначительно различающихся между собой (Smukov, 1989; Egremin et al., 2009). 'Крымский Медунец' выведен в Государственном Никитском ботаническом саду К. Ф. Костиной и А. М. Шолоховым путем скрещивания сортов 'Степняк' и 'Шалах' (Gogina et al., 2020). В свою очередь, 'Бухара' является местным дагестанским сортом народной селекции (Asadulaev et al., 2020). Особый селекционный интерес представляют чуглинские формы абрикоса. Они получены от скрещивания сорта 'Шалах' с местными дагестанскими формами абрикоса с целью продвижения культуры в суровые условия Горного Дагестана и найдены в с. Нижнее Чугли Левашинского района (Дагестан), 1175 м н. у. м., в частном саду Омара Хаписова (Anatov, Osmanov, 2021). Также в исследовании задействован сорт 'Хонобах' – местный дагестанский сорт народной селекции.

Данная подборка интересна тем, что помимо чисто практических целей получения перспективных селекционных форм стоял и ряд теоретических задач. Одна из них – определение связи между сортами 'Краснощекий' и 'Бухара', поскольку их внешнее сходство по морфологии плода, вкусовым качествам может указывать на их родство, а также наличие ряда близких форм, совокупно

относимых местными жителями к сорту 'Бухара'. Другой задачей стояло установление влияния родительских генотипов на сходство и различия с потомками. Третья задача – оценка генотипической гетерозиготности форм для разных комбинаций скрещивания как основа успешности подбора родительских пар.

Экстракцию проб ДНК проводили методом ЦТАБ из тканей листа в фазу распускания (Murray et al., 1980). Для проведения генотипирования отобрали 11 SSR-маркеров, разработанных на абрикосе сибирском: H1-3, H2-79, H1-7, A1-63, H2-22, A1-17, A3-28-2, H2-16, A1-7, A3-9, H2-45 (Wang et al., 2014). Выбор данных маркеров для абрикоса обыкновенного обусловлен задачей пополнения имеющегося набора SSR-маркеров путем апробации маркеров, разработанных на близкородственных видах.

Для осуществления ПЦР произвели подбор оптимальных параметров, таких как концентрация компонентов и температурный режим реакции. В результате определили следующий оптимальный протокол: в общий объем ПЦР смеси (25 µL) входили 50 нг ДНК, 0,25 mM dNTPs, 0,2 µM каждого праймера; 2,5 µL 10-х буфера, 1 u Taq-полимеразы. Проводилась ПЦР по следующей программе: начальная денатурация – 3 минуты при 94°C, далее 35 циклов: денатурация при 94°C – 45 секунд, этап отжига при 58°C – 45 секунд, элонгация при 72°C – 45 секунд; заключительный этап – элонгация 4 минуты 30 секунд при 72°C. На приборе ABI prism 3130 провели оценку размеров ПЦР-продуктов. Полученные результаты обработали в программе Gene Mapper 4.1.

При анализе ряда генетических показателей использовали макрос для программы Microsoft Office Excel 2007 – GenAlEx 6.503. Анализ методом главных координат (РСоА) проводили в программе PAST version 4.0. Результаты генотипирования представлены в виде бинарной матрицы. Также осуществили байесовский анализ в программе STRUCTURE 2.3.4.

### Результаты

Выборку из 28 генотипов абрикоса проанализировали с применением 11 SSR-маркеров (табл. 2). Одной из поставленных в работе задач была апробация маркеров, разработанных на абрикосе сибирском, на выборке сортов абрикоса обыкновенного с целью дальнейшего использования наиболее полиморфных маркеров. Наиболее простым параметром, отражающим полиморфизм маркеров, является количество установленных аллелей. Количество установленных аллелей у 11 апробированных маркеров варьировало в диапазоне от 2 аллелей (A1-17, H2-16) до 8 (A1-63, H2-45), в среднем – 5 аллелей на локус. Всего в сумме по всем использованным в работе маркерам получили 55 аллелей. Такие показатели, как

число эффективных аллелей и индекс разнообразия Шеннона, позволяют более достоверно оценить полиморфизм маркера, так как оценивается не только число наблюдаемых аллелей, но и частота их встречаемости в выборке. Наибольшими значениями параметров (число эффективных аллелей и индекс разнообразия Шеннона) обладал маркер H2-45 ( $N_e = 6,149$ ;  $I = 1,925$ ), наименьшими – маркеры A1-63 ( $N_e = 4,392$ ;  $I = 1,707$ ) и H2-79 ( $N_e = 3,580$ ;  $I = 1,442$ ). Исходя из приведенных выше параметров, к наиболее перспективным маркерам для дальнейшего анализа генофонда абрикоса обыкновенного можно отнести H2-45, A1-63, H2-79 и H1-3.

Также оценили средние значения маркеров по ряду генетических параметров – как для всей выборки, так и каждой группы образцов отдельно (табл. 3).

Количество образцов в зависимости от группы варьировало от 5 до 10. Среднее число аллелей по 11 SSR-маркерам представлено для различных групп в диапазоне от 4,273 до 3,273. Различия между самыми различимыми группами значений  $N_e$  и  $I$  незначительны: например, у группы «Шалаха»  $N_e = 2,719$ ,  $I = 1,085$ , у группы «Краснощеккого»  $N_e = 2,014$ ,  $I = 0,782$ . Для большинства групп исследованных образцов значения наблюдаемой гетеро-

**Таблица 2. Характеристики использованных в работе SSR-маркеров**

**Table 2. Characteristics of the SSR markers used in this study**

	H1-3	H2-79	H1-7	A1-63	H2-22	A1-17
Na	7,000	6,000	4,000	8,000	4,000	2,000
Ne	3,416	3,580	1,579	4,392	1,936	1,849
I	1,416	1,442	0,750	1,707	0,943	0,652
	A3-28-2	H2-16	A1-7	A3-9	H2-45	
Na	4,000	2,000	7,000	3,000	8,000	
Ne	2,718	1,600	2,477	2,699	6,149	
I	1,096	0,562	1,295	1,044	1,925	

Примечание: Na – число аллелей; Ne – число эффективных аллелей; I – индекс Шеннона

Note: Na – number of alleles; Ne – number of effective alleles; I – Shannon Diversity Index

**Таблица 3. Характеристики 4 групп отобранных образцов абрикоса**

**Table 3. Characteristics of the four groups of selected apricot accessions**

Группы образцов / Groups of accessions	N	Na	Ne	I	Ho	He	F
«Краснощеккого» / Krasnoshchekiy group	7	3,273	2,014	0,782	0,364	0,422	0,098
«Крымского Медунца» / Krymskiy Medunets group	6	3,455	2,429	0,960	0,682	0,542	-0,262
«Шалаха» / Shalakh group	10	4,273	2,719	1,085	0,727	0,574	-0,266
«Бухары» / Bukhara group	5	3,455	2,265	0,893	0,509	0,484	-0,056
Общая выборка / Entire set	28	5,000	2,945	1,167	0,588	0,598	-0,121

Примечание: N – число образцов; Na – число аллелей; Ne – число эффективных аллелей; I – индекс Шеннона; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; F – индекс фиксации

Note: N – number of accessions; Na – number of alleles; Ne – number of effective alleles; I – Shannon Diversity Index; Ho – observed heterozygosity; He – expected heterozygosity; F – Fixation Index

зиготности превышали значения ожидаемой гетерозиготности, что отразилось на отрицательном значении индекса фиксации.

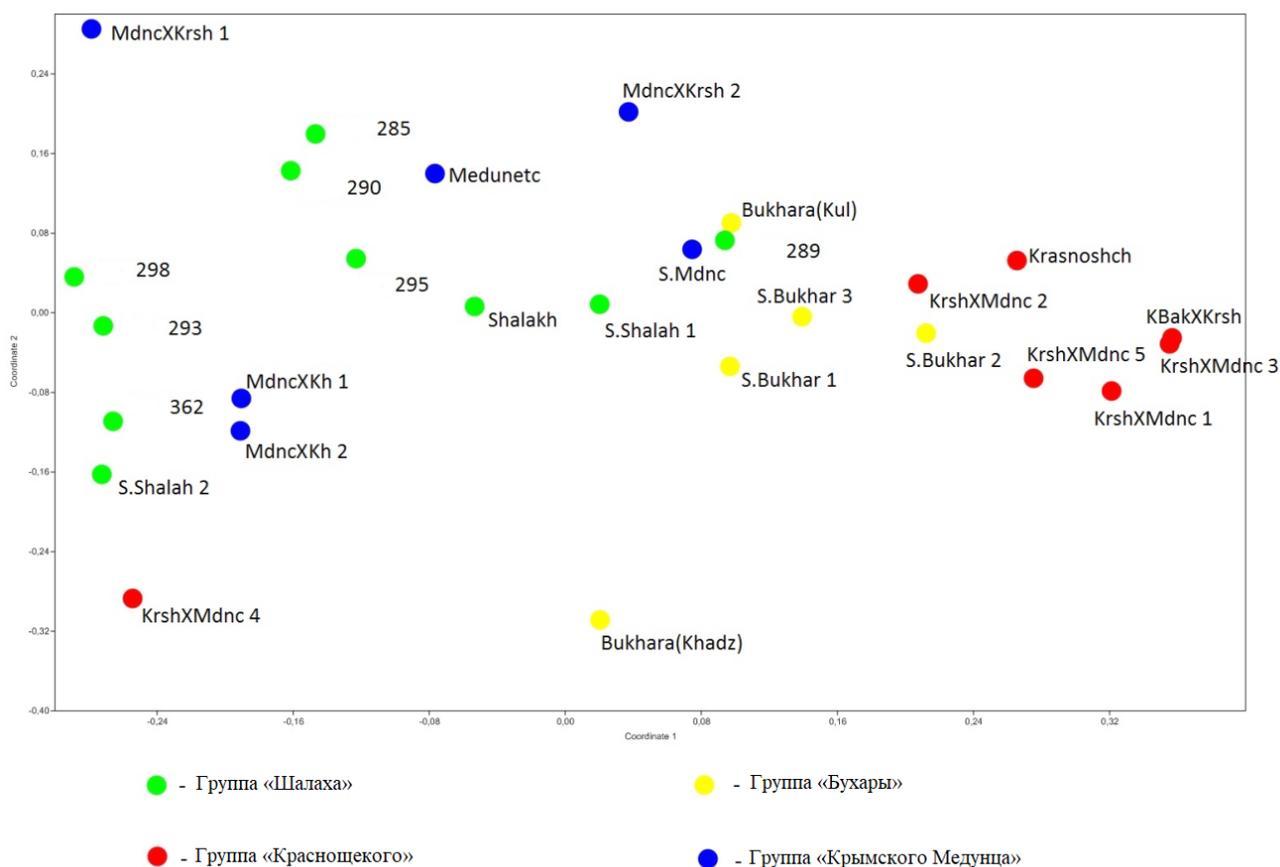
Проведенная в программе Past кластеризация исследуемых образцов методом PCoA позволила выявить общие закономерности распределения сортов и генотипов (рис. 1). На плоскости координат в правой части компактно сгруппированы сеянцы, полученные от скрещивания абрикоса сорта «Краснощекий». В центральной верхней части графика расположены генотипы, полученные от скрещивания сорта «Бухара», и генотип сорта «Бухара» из Кулибухны, а генотип сорта «Бухара» из Хаджалмахи занимает обособленное положение. Установлено, что два генотипа, относимых к сорту «Бухара», оказались различного генетического происхождения, в связи с чем отнесение генотипа из Хаджалмахи к сорту «Бухара» вызывает сомнения. Сеянцы, в родителях которых имеются обозначенные выше сорта, концентрируются в области рядом с их материнским родителем. Соответственно, сеянцы, полученные от материнского растения сорта «Крымский Медунец»: «Крымский Медунец» × «Краснощекий 1», «Крымский Медунец» × «Краснощекий 2» и сеянец сорта «Крымский Медунец» – расположены рядом с сортом «Крымский Медунец». Два сеянца от скрещивания «Крымский Медунец» × «Хонобах» расположены в левой части графика рядом с сеянцами из Чугли. Один сеянец «Краснощекий» × «Крымский Медунец» находится в нижней части графика равноудаленно как от сорта «Краснощекий», так и от сорта «Крымский Медунец». Все сеянцы из Чугли расположены в левой части графика.

Результаты кластеризации в программе STRUCTURE 2.3.4 позволили получить сведения, дополняющие информацию о распределении сортов методом PCoA (рис. 2). Для анализа генетического родства было выбрано число кластеров равное 2 ( $K = 2$ ). Соответственно происхождению сеянцев и сортов были установлены четыре группы генотипов. Для групп «Шалаха» и «Крымского Медунца» было характерно превалирование первого кластера. Группа «Бухары» включала генотипы как с преобладанием первого, так и второго кластера. Группа «Краснощекого» была представлена вторым кластером, за исключением генотипа «Краснощекий» × «Медунец 4».

### Обсуждение результатов

Все задействованные в работе SSR-маркеры дали полиморфные продукты в ходе ПЦП. Среднее количество аллелей, выявленных у данных маркеров на культуре абрикоса обыкновенного (5 аллелей на локус) в проведенной нами работе, сходно со средним количеством аллелей, выявленных на выборке абрикоса сибирского (5,75 аллелей на локус) в исследовании 2014 года (Wang et al., 2014). Данный факт указывает на перспективность внедрения в генетическую практику использования SSR, разработанных на абрикосе сибирском, для изучения генетического разнообразия абрикоса обыкновенного.

Сведения, полученные в ходе генетического анализа селекционного материала абрикоса с использованием SSR-маркеров, позволяют судить о генетическом разнообразии задействованных генотипов.



**Рис. 1. График PCoA исследуемых образцов абрикоса**  
**Fig. 1. PCoA scatter graph of the studied apricot accessions**

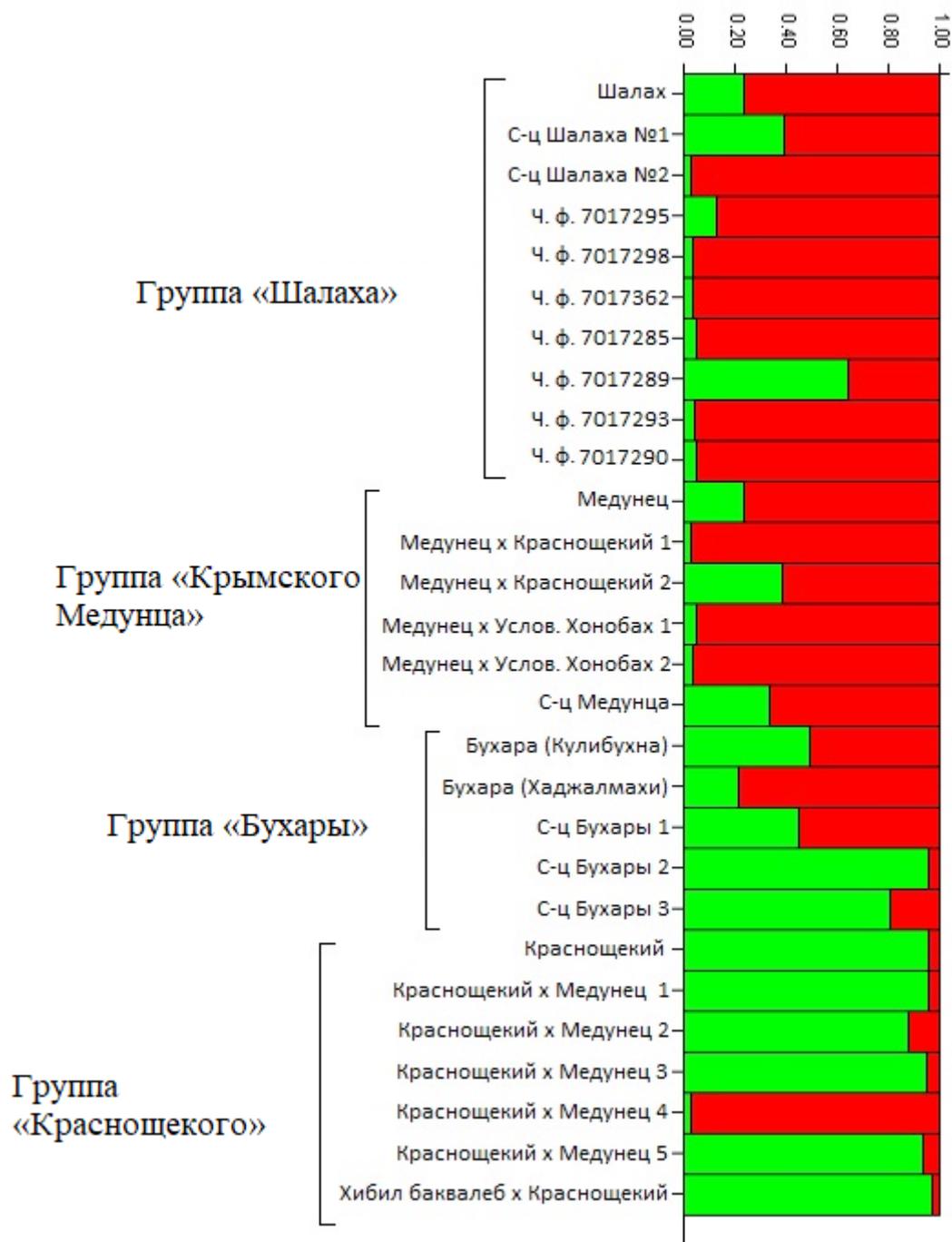


Рис. 2. График Байесовского анализа исследуемых образцов абрикоса

Fig. 2. Bayesian analysis graph of the studied apricot accessions

Стоит отметить, что сопоставление результатов оценки генетического полиморфизма мировых коллекций абрикоса обыкновенного затруднено фактом использования разных наборов SSR-маркеров в каждой отдельной работе. Тем не менее использование средних значений параметров по маркерам позволяет минимизировать данную проблему.

В проанализированных нами работах по изучению локальных генофондов абрикоса с применением SSR-маркеров среднее количество аллелей на локус варьировало от 1,73 до 15,143, в среднем – 7,77. Данный показатель в значительной степени зависел от размеров выборки. При сопоставлении литературных данных с полученными в ходе исследования результатами (5 аллелей

на локус) можно утверждать, что выявленное количество аллельных вариантов можно отнести к средним значениям для мирового генофонда.

Однако в большинстве генетических исследований коллекций абрикоса показатели  $N_e$  и  $I$  выше полученных при оценке нашей выборки (Maghuly et al., 2006; Khan et al., 2008; Martínez-Mora et al., 2009; Bourguiba et al., 2010; Zhang et al., 2014; Bourguiba et al., 2015; Liu et al., 2015). Установленные относительно низкие значения параметров  $N_e$  и  $I$  для отдельных групп сортов свидетельствуют об ограниченном количестве исходных родительских форм. В свою очередь, исходя из высоких значений наблюдаемой гетерозиготности селекционных форм, можно утверждать о генетической отдаленности подо-

бранных для скрещивания родительских пар. Таким образом, подход, основанный на скрещивании контрастного по происхождению селекционного материала, позволяет сохранить генетическое разнообразие культивируемого вида и избежать генетического обеднения генофонда. Между группами образцов не было выявлено значимых расхождений в значениях основных генетических параметров (Na, Ne, I, Ho, He и F); данный факт указывает на общие закономерности, характерные для выборки в целом: низкие показатели генетического разнообразия (Ne, I) и высокие значения наблюдаемой гетерозиготности (Ho).

В свою очередь, проведенный в данном исследовании анализ дает возможность установить родственные взаимоотношения внутри оцениваемой выборки. Так, генетический анализ с помощью SSR служит надежным инструментом в достоверной оценке родительских форм полученных семян и способом сортовой идентификации в случае возникновения сомнений в сортовой принадлежности образца. В целом по ряду групп семян было подтверждено их происхождение от известных родителей. К таким группам можно отнести семена от скрещивания сортов 'Крымский Медунец' × 'Краснощекий', 'Краснощекий' × 'Крымский Медунец', 'Крымский Медунец' × 'Хонобах', семена от свободного опыления сорта 'Бухара', семена из Чугли. Однако при анализе селекционного материала было выявлено значительное расхождение в аллельном наборе семян 'Краснощекий' × 'Крымский Медунец 4' от остальной группы семян идентичного происхождения. Полученные результаты ставят под сомнение его происхождение от данных родителей.

Исходя из данных кластеризации в программе STRUCTURE 2.3.4 выявили два контрастных источника формирования изученной выборки сортов. Обособленное положение в выборке заняли сорт 'Краснощекий' и основная часть его семян. Так как сорт 'Краснощекий' – европейского происхождения, сформированный кластер, возможно, отражает вклад европейского генофонда в выборку. Второй кластер включает генотипы из Чугли и, предположительно, представляет местный генофонд с генетическим вкладом сорта 'Шалах' закавказского происхождения. Данная картина в общих чертах согласуется с результатами РСoA-анализа: так, генотипы из Чугли занимают левый угол, а 'Краснощекий' и его семена – верхнюю правую часть графика.

### Заключение

Таким образом, использование SSR-маркеров для генетического анализа селекционного материала продемонстрировало свою эффективность. Маркеры были успешно задействованы в сортовой идентификации образцов абрикоса. Высокий уровень полиморфизма выявили у маркеров H1-3, H2-79, A1-63. Применение данной маркерной системы в качестве инструмента оценки родства изученных генотипов позволило подтвердить их происхождение. Данные, полученные в ходе генотипирования, послужили основой в оценке генетического разнообразия изученного селекционного материала.

Установлено, что два генотипа, относимых к сорту 'Бухара', оказались различного генетического происхождения, при этом фенотипических различий по плодам не выявлено, что подтверждает важность проведения генетического анализа при паспортизации сортов. Многомерный анализ генотипов абрикоса показал группирование их на два кластера.

Комплексное изучение коллекции абрикоса по 11 SSR-маркерам показало большое количество гетерозигот у гибридных семян относительно ожидаемых значений, что указывает на сильную генетическую отдаленность подобранных для скрещивания родительских пар. Наибольшей гетерозиготностью обладали семена от скрещивания сортов 'Крымский Медунец' × 'Краснощекий', 'Краснощекий' × 'Крымский Медунец', 'Крымский Медунец' × 'Хонобах'. В конечном итоге, исходя из полученных в работе сведений, сделано заключение об основных источниках формирования исследованной части дагестанского генофонда абрикоса.

### References / Литература

- Anatov D., Osmanov R. Phenotypic diversity of apricot cultivars derived from of Shalakh. variety. *BIO Web of Conferences*. 2021;34:02006. DOI: 10.1051/bioconf/20213402006
- Anatov D.M., Suprun I.I., Stepanov I.V., Tokmakov S.V. Genetic diversity analysis of apricots from Dagestan using SSR markers. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2022;183(4):132-140. DOI: 10.30901/2227-8834-2022-4-132-140
- Asadulaev Z.M., Anatov D.M., Osmanov R.M. Apricot in Dagestan. Makhachkala: Printing House A4; 2020. [in Russian] (Асадулаев З.М., Анатов Д.М., Османов Р.М. Абрикос в Дагестане. Махачкала: Типография А4; 2020). URL: [http://gorbotsad.ru/files/Apricot\\_in\\_Dagestan.pdf](http://gorbotsad.ru/files/Apricot_in_Dagestan.pdf) [дата обращения: 15.09.2023].
- Bourguiba H., Batnini M.A., Krichen L., Trifi-Farah N., Audergon J.M. Population structure and core collection construction of apricot (*Prunus armeniaca* L.) in North Africa based on microsatellite markers. *Plant Genetic Resources*. 2015;15(1):21-28. DOI: 10.1017/S1479262115000313
- Bourguiba H., Krichen L., Audergon J.M., Khadari B. Impact of mapped SSR markers on the genetic diversity of apricot (*Prunus armeniaca* L.) in Tunisia. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2010;28(4):578-587. DOI: 10.1007/s11105-010-0189-x
- Bourguiba H., Scotti I., Sauvage C., Zhebentyayeva T., Ledbetter C., Krška B. et al. Genetic structure of a worldwide germplasm collection of *Prunus armeniaca* L. reveals three major diffusion routes for varieties coming from the species' center of origin. *Frontiers in Plant Science*. 2020;11:638. DOI: 10.3389/fpls.2020.00638
- Dragavtseva I.A., Savin I.Yu., Klyukina A.V. Estimation of environmental resources of fruit trees' bearing in the South of Russia in the conditions of a climate change (exemplified by apricot in Krasnodar Territory). *Bulletin of the State Nikita Botanical Gardens*. 2019;(132):37-44. [in Russian] (Драгавцева И.А., Савин И.Ю., Клюкина А.В. Оценка экологических ресурсов плодоношения плодовых культур на юге России в условиях изменения климата (на примере абрикоса в Краснодарском крае). *Бюллетень Государственного Никитского ботанического сада*. 2019;(132):37-44). DOI: 10.25684/NBG.boolt.132.2019.04
- Eremin G.V., Zaremuk R.Sh., Alekhina E.M., Dragavtseva I.A., Eremina O.V., Eremin V.G. Atlas of the best fruit and berry crop cultivars in Krasnodar Territory. Vol. 2. Stone fruits (Atlas luchshikh sortov plodovykh i yagodnykh kultur Krasnodarskogo kraja. T. 2. Kostochkovye kultury). Krasnodar; 2009. [in Russian] (Еремин Г.В., Заремук Р.Ш., Алехина Е.М., Драгавцева И.А., Еремина О.В., Еремин В.Г. Атлас лучших сортов плодовых и ягодных культур Краснодарского края. Т. 2. Косточковые культуры. Краснодар; 2009).

- Gaziev M.A., Asadulaev Z.M., Abdullatipov R.A. Genetic resources of fruit crops in Mountain Dagestan: Album-catalogue (Geneticheskiye resursy plodovykh kultur Gornogo Dagestana: Albom-katalog). Makhachkala: ALEF; 2009. [in Russian] [Газиев М.А., Асадулаев З.М., Абдуллатипов Р.А. Генетические ресурсы плодовых культур Горного Дагестана: Альбом-каталог. Махачкала: АЛЕФ; 2009].
- Gorina V.M., Korzin V.V., Lukicheva L.A., Polyanchenko E.V., Richter A.A. Annotated catalogue of cultivars and promising breeding forms of apricot from the collection of Nikita Botanical Gardens (Annotirovanny katalog sortov i perspektivnykh selektsionnykh form abrikosa kollektzii Nikitskogo botanicheskogo sada). Simferopol; 2020. [in Russian] [Горина В.М., Корзин В.В., Лукичева Л.А., Поляниченко Е.В., Рихтер А.А. Аннотированный каталог сортов и перспективных селекционных форм абрикоса коллекции Никитского ботанического сада. Симферополь; 2020].
- Gorina V.M., Smykov V.K., Richter A.A. Apricot genofund and the perspectives of its using. In: L.P. Simirenko, V.K. Smykov (eds). *Collected Scientific Works. Vol. 132. Genofund of South Fruit Crops and Its Use*. Yalta: State Nikita Botanical Gardens; 2010. p.95-106. [in Russian] [Горина В.М., Смыков В.К., Рихтер А.А. Генофонд абрикоса и перспективы его использования. В кн.: *Сборник научных трудов. Том 132. Генофонд южных плодовых культур и его использование* / под ред. Л.П. Смирненко, В.К. Смыкова. Ялта: Государственный Никитский ботанический сад; 2010. С.95-105].
- Hormaza J.I. Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats. *Theoretical and Applied Genetics*. 2002;104(2-3):321-328. DOI: 10.1007/s001220100684
- Khan M.A., Maghuly F., Borroto-Fernandez E.G., Pedryc A., Katinger H., Laimer M. Genetic diversity and population structure of apricot (*Prunus armeniaca* L.) from Northern Pakistan using simple sequence repeats. *Silvae Genetica*. 2008;57(1-6):157-164. DOI: 10.1515/sg-2008-0024
- Kostina K.F. Apricot (Abrikos). Leningrad: VASKhNIL; 1936. [in Russian] [Костина К.Ф. Абрикос. Ленинград: ВАСХНИЛ; 1936].
- Krichen L., Audergon J.M., Trifi-Farah N. Assessing the genetic diversity and population structure of Tunisian apricot germplasm. *Scientia Horticulturae*. 2014;172(5):86-100. DOI: 10.1016/j.scienta.2014.03.038
- Liu M.P., Du H.Y., Zhu G.P., Fu D.L., Tana W.Y. Genetic diversity analysis of sweet kernel apricot in China based on SSR and ISSR markers. *Genetics and Molecular Research*. 2015;14(3):9722-9729. DOI: 10.4238/2015.August.19.4
- Lopes M.S., Sefc K.M., Laimer M., Da Câmara Machado A. Identification of microsatellite loci in apricot. *Molecular Ecology Notes*. 2002;2(1):24-26. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00132.x
- Maghuly F., Borroto-Fernandez E.G., Zelger R., Marschall K., Katinger H., Laimer M. Genetic differentiation of apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars with SSR markers. *European Journal of Horticultural Science*. 2006;71(3):129-134.
- Maghuly F., Fernandez E.B., Ruthner Sz., Pedryc A., Laimer M. Microsatellite variability in apricots (*Prunus armeniaca* L.) reflects their geographic origin and breeding history. *Tree Genetics and Genomes*. 2005;1(4):151-165. DOI: 10.1007/s11295-005-0018-9
- Martínez-Mora C., Rodríguez J., Cenis J.L., Ruiz-García L. Genetic variability among local apricots (*Prunus armeniaca* L.) from the Southeast of Spain. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 2009;7(4):855-868. DOI: 10.5424/sjar/2009074-1099
- Messina R., Lain O., Marrazzo M.T., Cipriani G., Testolin R. New set of microsatellite loci isolated in apricot. *Molecular Ecology Notes*. 2004;4(3):432-434. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2004.00674.x
- Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*. 1980;8(19):4321-4325. DOI: 10.1093/nar/8.19.4321
- Raji R., Jannatizadeh A., Fattahi R., Esfahlani M.A. Investigation of variability of apricot (*Prunus armeniaca* L.) using morphological traits and microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*. 2014;176:225-231. DOI: 10.1016/j.scienta.2014.06.033
- Results of the All-Russian Agricultural Census of 2016: In 8 volumes. Vol. 4. Arable areas under agricultural crops and areas under perennial plantations and berry crops. Book 1. Areas under crops and perennial plantations (Itogi Vserossiyskoy selskokhozyaystvennoy perepisi 2016 goda: V 8 tomakh. T. 4. Posevnyye ploshchadi selskokhozyaystvennykh kultur i ploshchadi mnogoletnikh nasazhdeniy i yagodnykh kultur. Kn. 1. Ploshchadi selskokhozyaystvennykh kultur i mnogoletnikh nasazhdeniy). Moscow: Statistika Rossii; 2018. [in Russian] (Итоги Всероссийской сельскохозяйственной переписи 2016 года: В 8 т. Т. 4. Посевные площади сельскохозяйственных культур и площади многолетних насаждений и ягодных культур. Кн. 1. Площади сельскохозяйственных культур и многолетних насаждений. Москва: Статистика России; 2018).
- Romero C., Pedryc A., Muñoz V., Llacer G., Badenes M.L. Genetic diversity of different apricot geographical groups determined by SSR markers. *Genome*. 2003;46(2):244-252. DOI: 10.1139/g02-128
- Sánchez-Pérez R., Ruiz D., Dicenta F., Egea J., Martínez-Gómez P. Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection, and genetic relationships. *Scientia Horticulturae*. 2005;103(3):305-315. DOI: 10.1016/j.scienta.2004.06.009
- Smykov V.K. Apricot (Abrikos). Moscow: Agropromizdat; 1989. [in Russian] [Смыков В.К. Абрикос. Москва: Агрпроимиздат; 1989].
- Stepanov I.V., Suprun I.I., Anatov D.M., Lobodina E.V., Osmanov R.M. SSR-analysis of some apricot varieties (*Prunus armeniaca* L.) of the Dagestan eco-geographical subgroup. *Horticulture and Viticulture*. 2019;(4):16-20. [in Russian] [Степанов И.В., Супрун И.И., Анатов Д.М., Лободина Е.В., Османов Р.М. SSR-анализ некоторых сортов абрикоса (*Prunus armeniaca* L.) дагестанской эколого-географической подгруппы. *Садоводство и виноградарство*. 2019;(4):16-20]. DOI: 10.31676/0235-2591-2019-4-16-20
- Wang Z., Liu H., Liu J., Li Y., Wu R., Pang X. Mining new microsatellite markers for Siberian apricot (*Prunus sibirica* L.) from SSR-enriched genomic library. *Scientia Horticulturae*. 2014;166:65-69. DOI: 10.1016/j.scienta.2013.12.004
- Yilmaz K.U., Gurcan K. Genetic diversity in apricot. In: M. Çalışkan (ed.). *Genetic Diversity in Plants*. London: InTech; 2012. p.249-270. DOI: 10.5772/33361
- Yilmaz K.U., Paydas S., Dogan S., Kafkas S. Genetic diversity analysis based on ISSR, RAPD and SSR among Turkish apricot germplasms in Iran Caucasian eco-geographical group. *Scientia Horticulturae*. 2012;138:138-143. DOI: 10.1016/j.scienta.2012.02.017

Zhang Q.P., Liu D.C., Liu S., Liu N., Wei X., Zhang A.M. et al. Genetic diversity and relationships of common apricot (*Prunus armeniaca* L.) in China based on simple sequence repeat (SSR) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2013;61(2):357-368. DOI: 10.1007/s10722-013-0039-4

Zhebentyayeva T.N., Reighard G.L., Gorina V.M., Abbott A.G. Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic similarity in apricot germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*. 2003;106(3):435-444. DOI: 10.1007/s00122-002-1069-z

### Информация об авторах

**Джалалудин Магомедович Анатов**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Дагестанский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Горный ботанический сад – обособленное подразделение ДФИЦ РАН, 367000 Россия, Республика Дагестан, Махачкала, ул. М. Гаджиева, 45, djalal@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6725-4086>

**Иван Иванович Супрун**, кандидат биологических наук, заведующий функциональным научным центром, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, supruni@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0355-8395>

**Илья Владимирович Степанов**, младший научный сотрудник, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, ivstepanof@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6251-300X>

**Руслан Маликович Османов**, младший научный сотрудник, Дагестанский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Горный ботанический сад – обособленное подразделение ДФИЦ РАН, 367000 Россия, Республика Дагестан, Махачкала, ru.osmanov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4857-6354>

**Сергей Вячеславович Токмаков**, кандидат биологических наук, и. о. заведующего лабораторией, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, ad-a-m@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2092-7757>

### Information about the authors

**Dzhalaludin M. Anatov**, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Dagestan Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Mountain Botanical Garden – a separate division of the DFRC RAS, 45 M. Gadzhieva St., Makhachkala 367000, Republic of Dagestan, Russia, djalal@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6725-4086>

**Ivan I. Suprun**, Cand. Sci. (Biology), Head of a Functional Scientific Center, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, 39 40 let Pobedy St., Krasnodar 350901, Russia, supruni@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0355-8395>

**Ilya V. Stepanov**, Associate Researcher, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, 39 40 let Pobedy St., Krasnodar 350901, Russia, ivstepanof@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6251-300X>

**Ruslan M. Osmanov**, Associate Researcher, Dagestan Federal Research Center of the Russian Academy of Sciences, Mountain Botanical Garden – a separate division of the DFRC RAS, 45 M. Gadzhieva St., Makhachkala 367000, Republic of Dagestan, Russia, ru.osmanov@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4857-6354>

**Sergey V. Tokmakov**, Cand. Sci. (Biology), Acting Head of a Laboratory, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, 39 40 let Pobedy St., Krasnodar 350901, Russia, ad-a-m@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2092-7757>

**Вклад авторов:** все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

**Contribution of the authors:** the authors contributed equally to this article.

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interests:** the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 01.11.2023; одобрена после рецензирования 25.10.2024; принята к публикации 03.12.2024. The article was submitted on 01.11.2023; approved after reviewing on 25.10.2024; accepted for publication on 03.12.2024.