

8. Махоткин А.Г., Махоткина Л.Я., Гричанов И.Я., Овсянникова Е.И. Особенности сигнализации обработок против яблонной плодовой жорки // Агро XXI:Сб. науч. трудов Краснодарского НИИ садоводства.- 2003 – 2004.- № 7.- № 12.- С. 26 – 29.

9. Черный А.М. Способы борьбы с вредителями, основанные на регуляции жизнедеятельности насекомых (биотехнические способы) // Вредители сельскохозяйственных культур и лесных насаждений [под. ред. академик Васильева В. П.].- Киев: Урожай, 1989. – Т. 3.- С. 122 – 129.

Статья поступила в редакцию 23.09.2018 г.

Balykina E.B., Trikoz N.N., Yagodinskaya L.P., Rybaryova T.S., Korzh D.A., Shcherbatko V.A. Results of testing synthetic sex pheromones of lepidopterans // Bull. of the State Nikita Botan. Gard. – 2019. – № 130. – P. 93-99.

The high species-specificity and attractive ability of pheromone of plum moth, fruit striped moth and codling moth have been specified. Preparative forms of these species can be used to monitor the dynamics of pests' summer and signaling the timing for protective measures. Pheromones of wood leopard moth, lackey moth can be used to detect foci of pests. Pheromones of boxwood moth do not have sufficient attractive ability and need to be improved. The action of pheromones of American white moth and Californian scale are not established due to the absence of pests.

Key words: *lepidopterans; sex pheromones; species-specificity; attractive ability*

ЮЖНОЕ ПЛОДОВОДСТВО

УДК: 581.1:633/635

DOI: 10.25684/NBG.boolt.130.2019.13

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ДНК – ПАСПОРТИЗАЦИИ И ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВЗАИМОСВЯЗЕЙ СОРТОВ ПЕРСИКА, БЛИЗКИХ ПО ПРОИСХОЖДЕНИЮ

**Иван Иванович Супрун¹, Анатолий Владимирович Смыков²,
Илья Владимирович Степанов¹**

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия» (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901, Российская Федерация, г. Краснодар, ул. 40-летия Победы, д. 39

² Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН
298648, Республика Крым, г. Ялта, пгт Никита, Никитский спуск, 52
E-mail: fruit_culture@mail.ru

Приведены результаты анализа полиморфизма 18 микросателлитных маркеров на выборке из 19 сортов персика, включающей несколько групп сортов, близких по происхождению. Маркеры показали уровень полиморфизма от 2 (маркеры VPPCT028 и UDP98-409) до 7 аллелей (маркер EMPaS01) на локус. Аллельный набор по трем наиболее полиморфным маркерам сформировал уникальные фингерпринты для каждого из изученных сортов, несмотря на общность по происхождению для многих сортов. Результаты кластерного анализа выявили закономерности при распределении по кластерам, согласующиеся с происхождением сортов.

Ключевые слова: *персик; генофонд; микросателлитные ДНК-маркеры; полиморфизм*

Введение

Персик – важнейшая косточковая культура, наряду с черешней, сливой абрикосом и вишней. Доместикация персика произошла в Китае приблизительно 4-5 тыс. лет назад [9]. Из центра происхождения культура персика распространилась в Центральную Азию, а затем появилась в Европе. В процессе колонизации американского континента европейские сорта персика попали в Америку. Селекция персика на протяжении веков велась по различным направлениям. Современный этап селекции персика начался приблизительно 75 лет назад и основывался на использовании знаний генетики в разработке селекционных программ. Благодаря активной селекционной работе, проведенной в этот промежуток времени, было получено значительное количество современных сортов персика. Однако данное разнообразие сортов было создано при участии небольшого количества исходных сортов китайского и американского происхождения. Несмотря на узость задействованной геноплазмы, эти программы селекции были чрезвычайно успешными и большинство коммерческих сортов, выращиваемых сегодня в мире, происходят от них.

В работах, нацеленных на изучение степени и распределения генетической изменчивости у диких и культурных растений, представляющих различные виды *Pyrus*, *Prunus*, микросателлитные маркеры (SSR) продемонстрировали свою эффективность в качестве молекулярно-генетических инструментов [1, 10, 12, 15]. Первые работы по созданию набора SSR маркеров были проведены на сорте персика «Redheaven» [6, 8, 14]. Также была проанализирована возможность перенесения данных маркеров на другие культуры рода *Prunus*. Большинство из них давали четкий ПЦР продукт у таких видов, как слива домашняя, слива японская, абрикос, миндаль, черешня и вишня, и несколько праймеров дали продукты при амплификации у яблони [6, 8]. Aranzana et al была проведена работа по генотипированию 212 сортов персика с набором из 16 SSR, которая свидетельствовала о высокой результативности применения данного типа маркеров для анализа большого количества сортов в рамках вида персика [5]. Так же проведенная работа позволила с помощью SSR маркеров произвести дифференциацию сортов по ключевым морфологическим признакам, в частности, по типу мякоти.

Дальнейшее исследование, проведенное Aranzana et al позволило как расширить выборку изученных сортов за счет добавления сортов-основателей американской геноплазмы, так и увеличить набор SSR, доведя его до 50 маркеров. Маркеры были взяты из ранее опубликованной работы Dirlwanger E et al [7]. Расширение набора SSR маркеров дало возможность более детально изучить аспекты генетической вариабельности персика и структуру субпопуляций. Данные по генетическому полиморфизму SSR маркеров в китайской геноплазме обладают особой ценностью, в связи с тем, что Китай принято считать центром происхождения культуры персика. Была проведена работа по оценке генетического разнообразия и эколого – географического родства на китайских сортах местной селекции, дополнительно в работу включили японские, североамериканские и североамериканские сорта персика и нектарина [16].

В отличие от других видов *Prunus*, которые обладают гаметофитной системой самонесовместимости при опылении, персик является самоопыляющимся видом. Самооплодотворение, серьезный фактор, влияющий на обеднение генофонда культуры. Кроме того, при реализации селекционных программ, сорта, обладающие наиболее ценным комплексом признаков, чаще других используются в качестве родительских форм, что также может приводить к снижению генетического разнообразия генофонда. В связи с этим важным вопросом является изучение уровня генетического полиморфизма коллекций генофонда, а также выяснение генетических взаимосвязей между сортами. Это может позволить вносить коррективы при подборе родительских

пар – при необходимости получения наибольшего уровня генетического разнообразия в гибридном потомстве.

Коллекция генетических ресурсов персика Никитского ботанического сада (г. Ялта) насчитывает 559 сортов, в том числе интродуцированных из различных регионов мира: Америки, Европы, Средней Азии, Закавказья. В результате интродукции и селекции данной культуры в Никитском ботаническом саду сформирован богатый генофонд, в том числе 288 сортов селекции НБС (51,5%); 101 сорт из США (18,1%), 21 (3,8%) из Китая; 55 сортов (9,8%) – из Средней Азии и Закавказья; 8 сортов (1,4%) – из Канады; 29 (5,2%) – неизвестного происхождения; 57 сортов (10,1%) – из 14 стран Европы. В результате использования 22-х сортов в селекционных программах, было выведено 46 сортов, включенных в разные годы в промышленный сортимент персика. В настоящее время Никитским ботаническим садом получены патенты РФ на 30 сортов персика и 42 сорта включены в Реестр РФ [2]. Очевидно, что на современном этапе селекции, который ставит задачей получение новых сортов с комплексом хозяйственно ценных признаков, превосходящих имеющийся сортимент, важно иметь полноценную информацию, характеризующую селекционный генофонд, в том числе оценку уровня его генетической гетерогенности и степени генетической близости сортов. Ранее нами использовались микросателлитные для ДНК-фингерпринтинга оценки генетических взаимосвязей сортов персика селекции НБС [3]. Учитывая тот факт, что в селекционной работе, для достижения планируемого результата, может возникать необходимость использования узкой, близкородственной генплазмы, нами была поставлена задача проверки эффективности SSR-маркеров и отбор наиболее перспективных для ДНК-паспортизации и достоверной оценки генетических взаимосвязей сортов персика, близких по происхождению.

Объекты и методы исследования

Объектом исследований являлись 19 сортов персика из коллекции генофонда НБС, которые характеризуются комплексом хозяйственно ценных признаков. Из них восемь сортов включены в Реестр селекционных достижений РФ, а остальные – в различные годы входили в промышленный сортимент персика (табл. 1).

Таблица 1

Сорта персика для исследований

№	Сорт	Происхождение	Отличительные признаки
1	2	3	4
Ранний срок созревания (1 – 2 декада июля)			
1	*Улюблений	Ветеран х Кардинал	Высокое качество плодов
2	Крымский Фейерверк	Ветеран х Арп Бьюти	Высокая урожайность
3	Кардинал	Хейлхейвен самооп.	Высокое качество плодов
4	*Демерджинский	Валиант х Фаворита Мореттини	Высокое качество плодов, морозостойкость, толерантность к мучнистой росе
5	Фаворита Мореттини	Выведен в Италии	Высокое качество плодов
6	*Юбилейный Ранний	Ветеран х Фаворита Мореттини	Высокое качество плодов, толерантность к болезням
Ранне-средний срок созревания (3 декада июля – 1 декада августа)			
7	*Никитский Подарок	Ветеран х Кардинал	Высокое качество плодов, засухоустойчивость
8	*Мечта	Валиант х Фаворита Мореттини	Высокое качество плодов
9	*Румяный Никитский	Валиант х Фаворита Мореттини	Высокое качество плодов, морозостойкость
10	*Карнавальный	Ветеран х Кардинал	Высокое качество плодов

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4
Средний срок созревания (2 – 3 декада августа)			
11	Успех	Турист х Арп	Высокое качество плодов, морозостойкость
12	Ветеран	Выведен в Канаде	Позднее цветение, высокая зимостойкость
13	Валиант	Эльберта св. оп.	Высокое качество плодов
14	Кремлевский	Рочестер х Эльберта	Высокое качество плодов
15	Золотая Москва	Эльберта х Сальвей	Высокое качество плодов, морозостойкость
16	Сказка	Золотой Юбилей х Наринджи	Высокое качество плодов, морозостойкость
17	Маяковский	Золотой Юбилей х Арабка	Высокое качество плодов, морозостойкость
Поздний срок созревания (2 – 3 декада сентября)			
18	*Крымская Осень	Рочестер х Эльберта	Высокое качество плодов, зимостойкость, толерантность к мучнистой росе
19	Орленок	Эльберта х Зафрани	Высокое качество плодов

* – Сорты, включенные в Реестр селекционных достижений Российской Федерации, допущенных к использованию.

Экспериментальная выборка включала несколько групп сортов, близких по происхождению. Экстракцию ДНК проводили из молодых листьев методом ЦТАБ [4]. В работе оценивали полиморфизм 18 SSR-маркеров [6, 8, 10, 12, 14]. При постановке ПЦР использовали экспериментальные параметры, оптимизированные ранее [4]. Анализ размеров амплифицированных фрагментов проводили на автоматическом генетическом анализаторе ABI prism 3130. Для статистической обработки результатов SSR-генотипирования и анализа генетических взаимосвязей изученного генофонда использовали пакеты программ PAST version 2.17c. и GenAlEx 6.5 [11, 13].

Результаты и обсуждение

Для 19 сортов персика из коллекции ГНБС было выполнено генотипирование с использованием 18 SSR маркеров. Использование фрагментного анализа дало возможность идентифицировать целевые фрагменты с точностью до 1 пары нуклеотидов. На рисунке 1 приведен пример фрагментного анализа ПЦР-продуктов по SSR-маркеру UDP98-022 для сортов из изученной выборки. Приведены результаты для сорта Демерджинский и его родительских сортов – Фаворита Мореттини и Валиант.

Сорт Демерджинский по локусу UDP98-022 унаследовал от каждого из родительских сортов аллель 126, в связи с чем, данный локус у него находится в гомозиготном состоянии – один пик на электрофореграмме, соответствующий размеру фрагмента 126 п.н.

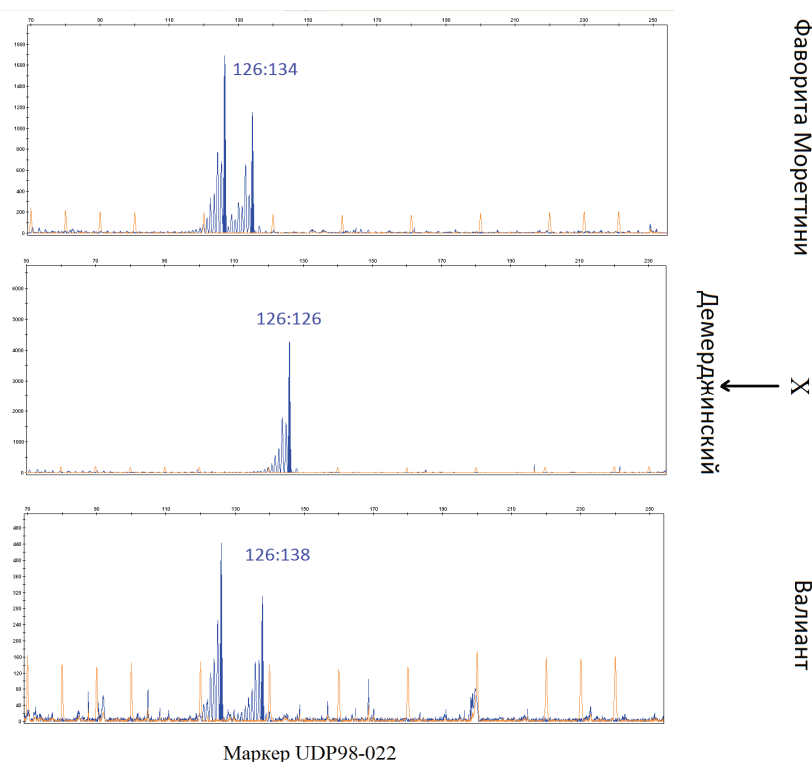


Рис. 1 Результаты фрагментного ПЦР-продуктов по SSR-маркеру UDP98-022 – сорта Демерджинский и его родительских сортов: Фаворита Мореттини и Валиант

Основываясь на результатах SSR-генотипирования, был осуществлен расчет таких показателей, как общее число аллелей (N_a), число эффективных аллелей (N_e), индекс разнообразия Шеннона (I), ожидаемая (H_o) и наблюдаемая гетерозиготность (H_e), индекс фиксации (F) для каждого из 18 маркеров (табл. 2). Следует отметить, что маркер EMPaS06 в выборке был представлен лишь одним аллелем. Он был исключен из работы. Остальные отобранные для исследования маркеры различались по степени полиморфизма. Так, наибольшим полиморфизмом характеризовался маркер EMPaS01 (7 аллелей), наименьшим аллельным разнообразием – BPPCT028 и UDP98-409 (2 аллели). Индекс Шеннона варьировал у анализируемой группы маркеров в пределах от 0,206 (UDP98-409) до 1,636 (EMPaS01), что соотносится с общими данными по количеству аллелей у каждого маркера.

Таблица 2

Основные параметры отобранных в исследовании маркеров

Маркер	N_a	N_e	I	H_o	H_e	F
1	2	3	4	5	6	7
СРРСТ044	5	3,15	1,30	0,68	0,68	0,00
UDP98-412	4	2,25	0,95	0,84	0,56	-0,52
СРРСТ040	4	2,06	0,86	0,74	0,52	-0,43
ВРРСТ028	2	1,30	0,39	0,26	0,23	-0,15
ВРРСТ037	3	2,16	0,85	0,68	0,54	-0,28
UDP98-410	5	2,19	1,05	0,63	0,54	-0,16
UDP98-022	5	3,68	1,40	0,79	0,73	-0,08
ВРРСТ025	5	3,63	1,43	1,00	0,72	-0,38
UDP96-008	4	2,67	1,11	0,21	0,63	0,66

Продолжение таблицы 2

1	2	3	4	5	6	6
ВРРСТ017	5	2,40	1,05	0,74	0,58	-0,26
UDP98-409	2	1,11	0,21	0,11	0,10	-0,06
ВРРСТ023	5	1,40	0,65	0,26	0,28	0,07
UDP96-018	5	3,18	1,33	0,42	0,69	0,39
ЕМPaS02	2	1,50	0,51	0,32	0,33	0,05
ЕМPaS01	7	4,30	1,64	0,68	0,77	0,11
ЕМPaS06	1	1,00	0,00	0,00	0,00	-
ВРРСТ038	6	2,89	1,27	0,74	0,65	-0,13
ВРРСТ007	5	4,15	1,50	0,84	0,76	-0,11

Индекс фиксации, отображающий отношение между ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготностью, представлен как в отрицательных значениях, так и в положительных, в зависимости от маркера. Однако, связь между полиморфностью локуса и значением индекса фиксации отсутствует.

С целью отбора наиболее эффективных для генотипирования маркеров, то есть маркеров, позволяющих получить наибольшее число уникальных фингерпринтов среди взятых в исследование сортов, был использован параметр эффективного числа аллелей. В связи с тем, что эффективное число аллелей учитывает не только аллельное разнообразие маркера, но и частоту встречаемости аллелей, данный параметр позволяет более точно подобрать необходимый набор эффективных маркеров, в отличие от простой оценки числа установленных аллелей на маркер. Значение числа эффективных аллелей в изученной выборке сортов персика в зависимости от SSR-маркера варьировало в диапазоне от 1,110 (UDP98-409) до 4,297 (ЕМPaS01). Исходя из данных по числу эффективных аллелей, анализируемые маркеры были разделены на три группы: с высокими значениями показателя (ЕМPaS01, ВРРСТ007, UDP98-022), со средним значением показателя (ВРРСТ038, UDP96-018, СРРСТ044 и ВРРСТ025), с низким значением показателя (UDP98-409, UDP98-410, ВРРСТ017, ВРРСТ023, ЕМPaS02, UDP96-008, СРРСТ006, ВРРСТ037, ВРРСТ028, СРРСТ040, UDP98-412, ВРРСТ002). Было установлено, что три маркера, входящих в первую группу с высокими значениями числа эффективных аллелей, ЕМPaS01, ВРРСТ007 и UDP98-022 наиболее эффективны в определении генотипов на изученной выборке сортов (табл. 3). Так маркер ЕМPaS01 позволяет идентифицировать 8 генотипов у 19 сортов, маркер ВРРСТ007 дает возможность также выявить 8 генотипов, в свою очередь UDP98-022 позволяет определить всего 9 уникальных генотипов в выборке.

Таблица 3

Фингерпринты сортов персика по трем полиморфным маркерам

	UDP98-022	ЕМPaS01	ВРРСТ007
1	2	3	4
Юбилейный ранний	126:126	245:256	150:154
Фаворита Мореттини	126:134	245:245	150:150
Карнавальный	134:138	245:256	148:150
Орленок	126:126	245:253	132:146
Золотая Москва	134:140	245:245	148:150
Улюбленный	138:140	245:256	154:154
Крымская осень	134:140	245:256	148:150
Мечта	136:140	245:255	150:154
Демерджинский	126:126	245:256	148:150

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4
Сказка	126:140	244:253	132:154
Маяковский	126:140	253:253	146:148
Валиант	126:138	255:256	148:150
Ветеран	126:138	256:256	148:154
Успех	138:140	245:256	132:146
Кремлёвский	126:134	255:255	150:154
Никитский подарок	126:140	255:256	148:154
Румяный никитинский	126:138	245:256	148:150
Крымский фейерверк	138:140	255:257	132:154
Кардинал	140:140	245:254	154:154

При рассмотрении суммарного SSR-фингерпринта по трем указанным ДНК-маркерам, видно, что каждый сорт обладает уникальным – сортоспецифичным ДНК-паспортом.

На основании данных SSR-генотипирования по общей выборке маркеров, использованных в работе, был выполнен кластерный анализ методом UPGMA. Результаты кластеризации приведены на рисунке 2. По результатам кластеризации видно, что наиболее генетически удален от общей выборки сорт Успех. Обособленность его при кластеризации объясняется отсутствием генеалогического родства с сортами из выборки, за исключением сорта Крымский фейерверк имеющего с данным сортом общего родителя (Арт).

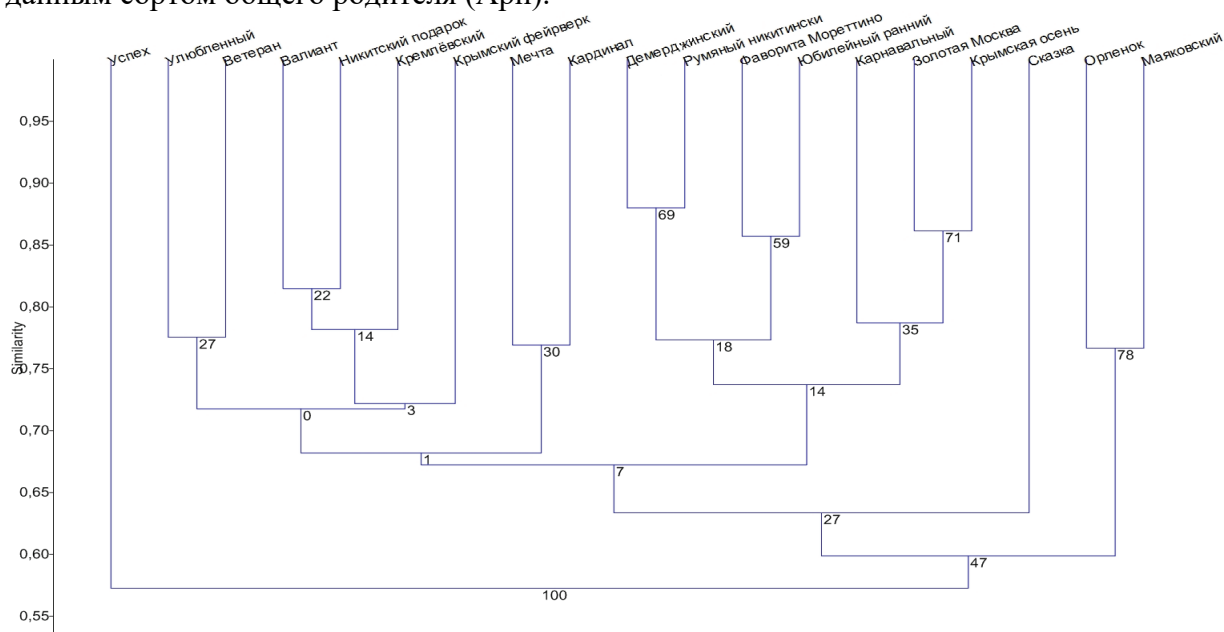


Рис. 2 Кластеризация сортов персика методом UPGMA

Пары сортов Сказка и Маяковский, Орленок и Золотая Москва также имеют одного общего родителя. В качестве общего родителя для Сказки и Маяковского выступает Золотой Юбилей, в случае сортов Орленок и Золотая Москва общим родителем является Эльберта. Однако данные сорта при кластеризации не образуют пар соответствующих их происхождению. Крымская Осень и Кремлевский, происходящие от скрещивания сортов Рочестер и Эльберта, не образуют единого кластера. Однако Крымская Осень и Кремлевский входят в кластеры, в которых присутствуют потомки сорта Эльберта – Валиант и Золотая Москва. Сорта Никитский Подарок, Крымский Фейерверк и Улюбленный формируют совместно с сортом

Ветеран, выступающим в качестве их общего родителя, единый кластер, который также включает сорта Валиант и Кремлевский. Данный кластер образует совместно с двумя сортами Мечта и Кардинал кластер более крупного порядка. Их совместное расположение, предположительно, связано с наличием среди потомков Ветерана двух сортов, вторым родителем которых является Кардинал, в свою очередь Валиант, также входящий в единый кластер с Ветераном, является родителем для сорта Мечта. Отдельный кластер сформирован сортами Фаворита Мореттини, Румяный Никитский, Демерджинский и Юбилейный Ранний. У трех сортов Румяный Никитский, Демерджинский и Юбилейный Ранний одним из родителей является сорт Фаворита Мореттини. Таким образом, при кластеризации выделились две крупные группы сортов, связанных генеалогическим родством: первую группу образуют сорт Ветеран и его потомки, вторую группу представляет сорт Фаворита Мореттини совместно со своими потомками. Стоит отметить, что не все потомки сортов Фаворита Мореттини и Ветеран входят в соответствующие группы. Это можно объяснить влиянием генетического материала от второго родителя, в частности, сорт Юбилейный Ранний, имея родителя сорт Ветеран, при кластеризации определен в группу своего второго родительского сорта – Фаворита Мореттини. И, тем не менее, сложно интерпретировать расположение сорта Карнавальный вне группы сортов – потомков сорта Ветеран, учитывая, что сорта Улюбленный и Никитский Подарок, имеющие вторым родителем сорт Кардинал, как и сорт Карнавальный, отнесены в соответствующий кластер. Это свидетельствует о сложности интерпретации результатов кластерного анализа внутри выборки близкородственных сортов. Тем не менее, выбранный нами для работы набор маркеров позволил установить ряд тенденций в процессе кластеризации и интерпретировать их, исходя из сведений о генеалогии сортов.

Заключение

По результатам SSR-генотипирования выборки из 19 сортов персика было выявлено от 1 (маркер EMPaS06), до 7 аллелей (маркер EMPaS01). Для всех изученных сортов получены уникальные SSR-фингерпринты.

Использование в качестве критерия оценки уровня полиморфизма показателя «эффективное число аллелей» позволило отобрать наиболее полиморфные маркеры, перспективные для использования при SSR-фингерпринтинге генетически близких сортов.

Несмотря на то, что в ряде случаев была выявлена сложность интерпретации результатов кластерного анализа внутри выборки близкородственных сортов, в целом, результаты UPGMA-кластеризации соотносятся с генеалогией сортов.

Список литературы

1. Плугатарь Ю.В., Бабина Р.Д., Супрун И.И., Науменко Т.С., Алексеев Я.И. Оценка сортов груши, выделенных из генофондовой коллекции Никитского ботанического сада по комплексу хозяйственно ценных признаков, с помощью микросателлитных маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции – 2018. – 22 (1) – С. 60-68 DOI 10.18699 / VJ 18.332/.
2. Смыков А.В., Федорова О.С., Шишова Т.В., Иващенко Ю.А. Селекция персика и ее результаты в Никитском ботаническом саду // Сборник научных трудов ГНБС. – 2015. – Т. 140. – С. 23 – 33.
3. Супрун И.И., Смыков А.В., Токмаков С.В. SSR-фингерпринтинг и оценка генетических взаимосвязей сортов персика современной селекции Никитского ботанического сада // Садоводство и виноградарство. – 2017. – № 5. – С. 23 – 27.

4. Супрун И.И., Токмаков С.В., Степанов И.В., Балапанов И.М. Разработка мультиплексных наборов SSR-маркеров для использования в изучении генетического разнообразия в пределах родов *Malus*, *Prunus* и *Pyrus* // Научные труды ГНУ СКЗНИИСиВ «Методологическое обеспечение селекции садовых культур и винограда на современном этапе», 2013. – Т. 1. – С. 97 – 101.

5. Aranzana M.J., Carbó J., Arús P. Microsatellite variability in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch): cultivar identification marker mutation pedigree inferences and population structure // *Theor Appl Genet.* – 2003. – V. 106. – P. 1341 – 1352.

6. Cipriani G., Lot G., Huang W.G., Marrazzo M.T., Peterlunger E., Testolin R. AC/GT and AG/CT microsatellite repeats in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch): isolation characterisation and cross-species amplification in *Prunus* // *Theor Appl Genet.* – 1999. – Vol. 99 – P. 65 – 72.

7. Dirlewanger E., Graziano E., Joobeur T., Garriga-Calderé F., Cosson P., Howad W., Arús P. Comparative mapping and marker-assisted selection in Rosaceae fruit crops // *Proc Natl Acad Sci USA.* – 2004. – V. 101 – P. 9891 – 9896.

8. Dirlewanger E., Cosson P., Tavaud M., Aranzana M. J., Poizat C., Zanetto A., Arús P., Laigret F. Development of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* (L.) Batsch) and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.) // *Theor Appl Genet* – 2002. – Vol. 105. – P. 127–138.

9. Faust M., Timon B. Origin and dissemination of peach // *Hortic Rev.* – 1995. – V. 17. – С. 331 – 379.

10. Guarino C., Santoro S., De Simone L., Cipriani G. *Prunus avium*: nuclear DNA study in wild populations and sweet cherry cultivars // *Genome.* – 2009. – V. 52. – P. 320–337.

11. Hammer, U., Harper, D.A.T., Ryan, P.D. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis // *Palaeontologia Electronica.* – 2001.– 4 (1). – P. 9.

12. Mnejja M., Garcia-Mas J., Audergon J-M., Arús P. *Prunus* microsatellite transferability across Rosaceae species // *Tree Genet Genomes.* – 2010. – V. 6. – P. 689 – 700.

13. Peakall, R. and Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update // *Bioinformatics.* – 2012. – 28. – P. 2537 – 2539.

14. Testolin R., Marrazzo T., Cipriani G., Quarta R., Verde I., Dettori M.T., Pancaldi M., Sansavini S. Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars // *Genome* – 2000. – Vol. 43 – P. 512 – 520.

15. Xie H., Sui Y., Chang F.Q., Xu Y., Ma R.C. SSR allelic variation in almond (*Prunus dulcis* Mill) // *Theor Appl Genet.* – 2006. – V. 112. – P. 366 – 372.

16. Yoon J.H., Liu D.C., Song W.S., Liu W.S., Zhang A.M., Li S.H. Genetic diversity and ecogeographical phylogenetic relationships among peach and nectarine cultivars based on simple sequence repeat (SSR) markers // *Amer Soc Hort Sci.* – 2006. – Vol. 131 – P. 513–521.

Статья поступила в редакцию 02.11.2018 г.

Suprun I.I., Smykov A.V., Stepanov I.V. Use of microsatellite markers for DNA passportization and study of genetic relations of cultivars of peach that are similar in origin // Bull. of the State Nikit. Botan. Gard. – 2019. – № 130. – P. 99-107.

The results of polymorphism analyze of 18 microsatellite markers on samples of 19 peach cultivars, including several groups of cultivars of similar origin, are presented. The markers have shown the level of polymorphism from 2 (BPPCT028 and UDP98-409 markers) to 7 alleles (EMPaS01 markers) per locus. Allele set of three most polymorphic markers formed unique fingerprints for each of the studied cultivars, despite the common origin for many cultivars. The results of cluster analysis revealed patterns in the distribution of clusters, consistent with the origin of cultivars.

Key words: peach; gene pool; microsatellite DNA markers; polymorphism