

**Поиск генов устойчивости к вредителям винограда
(*Vitis vinifera* L.) методами высокопроизводительного генотипирования**

Лыткин К.Ф.

(Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет имени С.М. Кирова)

Научный руководитель – д.б.н., профессор Потокина Е.К.

(Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет имени С.М. Кирова)

Аннотация. Виноградная филлоксера является опасным вредителем виноградной лозы, поражающей виноградники по всей Европе. Данное исследование посвящено результатам анализа ассоциаций (GWAS) между 12734 SNP, полиморфными в выборке 139 растений винограда, несущих интрогрессии от иммунных к вредителям видов *Vitis*, и изменчивостью этих растений по устойчивости к листовой форме филлоксеры с использованием п.о. GAPIT (Genome Association and Prediction Integrated Tool). В результате анализа были идентифицированы SNP, ассоциированные с устойчивостью винограда к листовой форме филлоксеры.

Виноградная филлоксера – опасный карантинный вредитель виноградной лозы, поражающий виноградники по всей Европе. Листовая форма филлоксеры снижает фотосинтетическую активность винограда, что приводит к уменьшению количества плодовых почек. Также, личинки филлоксеры, выходящие из галлов листьев, могут колонизировать корни, негативно влияя на рост растения. Большинство сортов культурного винограда не несут генов устойчивости к этому вредителю, в то время как североамериканские виды *Vitis* имеют такие гены. Наиболее перспективным решением является проведение межвидовых скрещиваний культурного винограда с дикорастущими видами *Vitis*. Проблемой таких межвидовых скрещиваний внутри рода *Vitis* является разный диплоидный набор хромосом у разных видов (например, $2n=38$ у *V. vinifera* и $2n=40$ у *V. rotundifolia*). Несмотря на это, в результате нескольких успешных попыток были получены некоторые межвидовые гибриды. Цель нашего исследования – оценить устойчивость к филлоксере трех гибридных популяций винограда, полученных в результате скрещивания одной и той же материнской формы M.N.31-77-10 с гибридными формами винограда, несущими интрогрессии от *V. rotundifolia* и других североамериканских видов *Vitis*.

139 растений трех популяций гибридов (66 + 43 + 30), а также родительские генотипы (материнская форма М. № 31-77-10; отцовские формы 2000-305-143 и 2000-305-163) были генотипированы с использованием метода double-digest RADseq. Прочтения были выровнены на референсные геномы *V. vinifera* и *V. rotundifolia*, идентификация SNP (SNP calling) была выполнена с использованием различных алгоритмов: Stacks, GATK, Tassel5. Данные генотипирования популяций по 12734 SNP были сопоставлены с изменчивостью по устойчивости растений к листовой форме филлоксеры, оцененной в лабораторном эксперименте, с помощью анализа ассоциаций (GWAS). С использованием п.о. GAPIT (Genome Association and Prediction Integrated Tool) на всей выборке из 139 гибридов было выявлено 9 SNP, достоверно ассоциированных с варьированием признаков «процент зараженных листьев» и «интенсивность галлообразования» в лабораторном эксперименте.

Таким образом, у гибридных форм винограда, полученных в результате отдаленной гибридизации с участием *V. rotundifolia*, идентифицированы 9 SNP, ассоциированные с устойчивостью к филлоксере. Три из них на хромосоме LG7 были расположены в том же хромосомном интервале, что и ранее опубликованный QTL (RDV6) устойчивости к корневой форме филлоксеры, интрогрессированный от *V. rotundifolia*. Два SNP на LG8 были обнаружены в составе гена, кодирующего убиквитинлигазу E3 UPL4, участвующую в клеточном апоптозе. SNP, обнаруженные на LG13 и LG18, локализованы в участках хромосом, предположительно интрогрессированных от североамериканского вида *V. cinerea*.

Лыткин К.Ф. (автор)

Подпись

Потокина Е.К. (научный руководитель)

Подпись