

МИНОБРНАУКИ РОССИИ
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«ЮЖНЫЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ЦКП «ВЫСОКИЕ ТЕХНОЛОГИИ»

**АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ БИОЛОГИИ,
НАНОТЕХНОЛОГИЙ И МЕДИЦИНЫ:**

*VI Международная научно-практическая конференция,
г. Ростов-на-Дону, 1–3 октября 2015 г.*

Ростов-на-Дону
Издательство Южного федерального университета
2015

УДК 577
ББК 28
А 43

Главный редактор:

доктор биологических наук, профессор *Т.П. Шкурат*
доктор технических наук, профессор *А.Е. Панич*

Редакционная коллегия:

кандидат биологических наук, профессор *Е.К. Айдаркин*
доктор биологических наук, профессор *М.М. Асланян*
доктор биологических наук, профессор *В.В. Внуков*
доктор биологических наук, профессор *С.И. Колесников*
доктор биологических наук, профессор *А.В. Усатов*
доктор медицинских наук, профессор *А.В. Шестопапов*
доктор биологических наук, профессор *Э.З. Эмирбеков*
доктор технических наук, профессор *Б.Я. Штейнберг*
доктор медицинских наук *С.С. Амелина*
доктор биологических наук *А.М. Ермаков*
доктор биологических наук *Е.В. Машкина*
доктор биологических наук *В.А. Чистяков*
кандидат биологических наук *А.А. Александрова*

A43 **Актуальные проблемы биологии, нанотехнологий и медицины: Материалы VI Междунар. науч.-практ. конф.;** Южный федеральный университет. – Ростов-на-Дону: Издательство Южного федерального университета, 2015. – 312 с.

ISBN 978-5-9275-1664-3

Настоящий сборник включает в себя труды более чем тысячи авторов всех регионов России, а также ведущих ученых Белоруссии, Украины, Армении, Казахстана, Германии, США. В нем представлены результаты исследований по молекулярной и регенеративной биомедицине, геномным и клеточным технологиям, биоинформатике и биобезопасности, экспериментальной биологии, ветеринарной медицине, медицинскому приборостроению и нанотехнологиям.

© Южный федеральный университет, 2015

ных качеств [3]. Одним из подходов для решения этой задачи является разработка и освоение методов маркерной селекции (Marker Assisted Selection – MAS). В качестве ДНК-маркеров рассматриваются гены, аллельные варианты которых связаны с проявлением хозяйственно ценных признаков животных [4, 5].

Целью наших исследований стало изучение полиморфизма гена кальпастина (*CAST*) и его влияния на ростовые качества овец.

Исследования проводили на овцах сальской породы ($n=108$), разводимых в Ростовской области. Анализ проводили методом ПЦР с последующим гидролизом образующихся амплифицированных фрагментов с помощью рестриктазы *MspI*.

В результате исследований у овец сальской породы было установлено только два генотипа MM и MN. Наибольшая частота принадлежала аллелю M и генотипу MM (0,89 и 0,78, соответственно). Частота гетерозиготного генотипа MN составила 0,22.

Проведение дальнейших исследований по изучению связи аллельных вариантов гена *CAST* с ростовыми признаками показало, что наличие аллельного варианта N (гетерозиготный генотип MN) у баранчиков сальской породы связано с большими среднесуточными приростами – на 16,3 г ($p<,01$) и большей массой – на 1,04 кг ($p<,05$) при отъеме в 2 месяца.

Таким образом, впервые получены результаты изучения полиморфизма гена *CAST/MspI* у овец, разводимых в Ростовской области, и выявлены достоверные ассоциации между генотипами гена *CAST* и ростовыми признаками овец сальской породы.

ЛИТЕРАТУРА

1. Колосов Ю.А. Использование генофонда мериносовых овец отечественной и импортной селекции для совершенствования местных мериносов // Овцы, козы, шерстное дело. 2012. № 4. С. 13–16.
2. Колосов Ю.А., Широкова Н.В. Мясные качества чистопородных и помесных баранчиков разного происхождения // Овцы, козы, шерстное дело. 2012. № 3. С. 44–46.
3. Kolosov Yu., Getmantseva L., Shirockova N. Sheep Breeding Resources in Rostov Region // World Applied Sciences Journal. 2013. Vol. 23(10). P. 1322–1324.
4. Сулимова Г.Е., Федюнин А.А., Климов Е.А., Столбовский Ю.А. Оценка генетического потенциала отечественного скота по признакам высокого качества мяса на основе ДНК-маркерных систем // Проблемы биологии продуктивных животных. 2011. № 1. С. 62–64.
5. Georgieva S., Hristova D., Dimitrova I., Stancheva N., Bozhilova-Sakov M. Molecular analysis of ovine calpastatin (*CAST*) and myostatin (*MSTN*) genes in Synthetic Population Bulgarian Milk sheep using PCR-RFLP // J. BioSci. Biotechnol. 2015. № 4(1). P. 95–99.

ВЛИЯНИЕ ГЕНОВ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ НА КОЛИЧЕСТВЕННЫЕ ПРИЗНАКИ РИСА В УСЛОВИЯХ РОСТОВСКОЙ ОБЛАСТИ

**П.И. Костылев¹, Е.В. Краснова¹, А.А. Редькин¹, А.В. Усатов²,
М.С. Макаренко², К.В. Азарин², Е.Б. Кудашкина³**

¹Всероссийский НИИ зерновых культур им. И.Г. Калининко, 347740, Российская Федерация, Ростовская обл., г. Зерноград, Научный городок, 3

²Научно-исследовательский институт биологии Южного федерального университета, 344090, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1

³АЧИИ ДЗНИИСХ, 347740, Российская Федерация, Ростовская обл., г. Зерноград, ул. Ленина, 19
E-mail: p-kostylev@mail.ru; mctakarenko@yandex.ru

Засоление почвы является существенным препятствием для расширения производства риса в мире. Одна пятая часть орошаемых земель в мире испытывает неблагоприятное воздействие высокой солености почвы [1]. В мире примерно 20 % орошаемых площадей (около 45 миллионов

га) в различной степени страдают от проблем засоления [2]. В Российской Федерации рис выращивается на юге России на площади около 200 тыс. га. Около 80 тыс. га рисовых полей в той или иной степени подвержены засолению [3]. В Ростовской области под рисом используется 14–15 тыс. га, часть из которых поливается солоноватой водой из озера Маныч.

Снижение урожайности на засоленных почвах может быть преодолено путем улучшения толерантности риса к этому фактору. Поэтому необходимо создавать и внедрять в сельскохозяйственное производство новые устойчивые сорта.

Толерантность к засолению на разных стадиях роста обеспечивают несколько независимых генов [4]. Основным локусом количественного признака устойчивости является **Saltol**, расположенный на хромосоме 1 [5]. Его передача в коммерческие сорта риса возможна с помощью гибридизации и использования молекулярных маркеров, которые позволяют контролировать перенос генов потомству в каждом поколении, что увеличивает скорость и надежность процесса отбора.

Целью работы являлась оценка с помощью ДНК-маркеров и ПЦР-анализа гибридных форм риса F₂, полученных во ВНИИ зерновых культур им. И.Г. Калининко от скрещивания солеустойчивых доноров IR 52713, IR 74099 и NSIC Rc 106 из коллекции Института сельскохозяйственной генетики (Ханой, Вьетнам) со скороспелым краснодарским сортом Новатор.

Гибридные растения трех комбинаций скрещивания выращивали на чеках ФГУП «Пролетарское» Ростовской области. Из листьев риса, отобранных в сентябре 2014 г. на селекционных делянках, выделяли в лабораторных условиях Института биологии ЮФУ геномную ДНК с помощью коммерческого набора «Фито-Сорб» (Синтол, Россия), согласно инструкции производителя. При проведении SSR-анализа использовали 2 пары праймеров, ассоциированных с локусом солеустойчивости: RM493 и RM7075, которые были отобраны нами по литературным данным [6]. Амплификацию проводили в термоциклере Bio-rad C1000 (США). ПЦР продукты разделяли с помощью электрофореза в 2,5 %-ном агарозном геле. Анализируемые растения F₂ были подвергнуты биометрическому анализу. Статистическую обработку экспериментальных данных проводили с помощью программы Excel и Statistica 6.

Гибриды второго поколения существенно варьировали по количественным признакам: вегетационному периоду (от скороспелых до нецветущих), высоте растений (75–122 см), длине метелки (14–25 см), числу выполненных зерен (80–206 шт.), числу колосков (99–300 шт.), плотности метелки (4,4–16,6 шт./см), массе 1000 зерен (26,3–34,9 г), массе зерна с метелки (2,1–5,5 г) и др.

Для анализа взяли лучшие растения с хорошо вызревшим зерном. Расщепление по генам Saltol не укладывалось в рамки менделевского, так как выборка была нерепрезентативной вследствие отбора. В таблице 1 представлены соотношения расщепления у трех гибридов.

Таблица 1

Расщепление по генам Saltol

Гибрид	Saltol / Saltol	Saltol / saltol	Saltol / Saltol
NSIC Rc 106 x Новатор	21	12	11
IR 52713 x Новатор	6	7	4
IR 74099 x Новатор	12	3	1
Всего	39	22	16

Преобладали растения с рецессивными аллелями гена (39), существенно меньше было гетерозигот (22), а солеустойчивых гомозигот – меньше всех (16). Это связано со сцеплением генов Saltol с неблагоприятными для растений в наших условиях генами.

Средние величины количественных признаков в этих трех группах несколько различались по комбинациям (табл. 2).

Средние величины признаков растений с различным аллельным состоянием генов *Saltol*

Число генов <i>Saltol</i>	Высота растения, см	Длина метелки, см	Число выполненных зерен, шт.	Число пустых колосков, шт.	Всего колосков, шт.	Плотность метелки, шт./см	Масса тысячи зерен, г	Масса зерна с метелки, г
<i>NSIC Rc 106 x Новатор</i>								
0*	94,7	18,7	113,6	83,4	197,0	10,7	29,2	3,3
1	89,9	18,3	110,3	70,6	180,8	9,9	30,1	3,3
2	96,9	18,1	122,5	51,3	173,7	9,8	29,6	3,6
<i>IR 52713 x Новатор</i>								
0	95,6	18,2	90,5	146,8	237,3	13,0	24,7	2,2
1	100,6	17,5	100,4	137,6	238,0	13,8	25,6	2,5
2	98,1	17,8	95,5	142,2	237,7	13,4	25,1	2,4
<i>IR 74099 x Новатор</i>								
0	89,8	17,8	94,7	89,6	184,3	10,5	26,5	2,4
1	81,0	17,2	77,7	98,3	176,0	10,4	23,6	1,8
2	97,0	20,5	271,0	89,0	360,0	17,6	24,4	6,6

*Примечание: 0 – гомозигота по рецессивному аллелю, 1 – гетерозигота, 2 – гомозигота по доминантному аллелю гена *Saltol*.

В гибридных комбинациях *NSIC Rc 106 x Новатор* и *IR 52713 x Новатор* у солеустойчивых растений высота была на 2–2,5 см выше, чем у неустойчивых, длина метелки на 0,4–0,6 см короче, число выполненных зерен на 5–9 шт. больше, масса 1000 зерен на 0,4 г выше, масса зерна с метелки на 0,2–0,3 г больше. В комбинации *IR 74099 x Новатор* все признаки, кроме массы 1000 зерен, у солеустойчивого образца были существенно выше, но они недостоверны, так как он был в единственном числе.

Таким образом, анализ показал, что растения, имеющие в гомозиготном состоянии доминантный ген солеустойчивости *Saltol*, имеют лучшее развитие количественных признаков, что указывает на их большую адаптивность к условиям Ростовской области.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Negrao S., Courtois B., Ahmadi N., Abreu I., Saibo N., Oliveira M.M.* Recent updates on salinity stress in rice: from physiological to molecular responses // *Critical Reviews in Plant Sciences*. 2011. Vol. 30. № 4. P. 329–377.
2. Food and Agriculture Organization, “Report of salt affected agriculture,” 2010, URL: <http://www.fao.org/ag/agl/agll/spush/>.
3. *Ладатко Н.А.* Морфофизиологические особенности сортов риса, обуславливающие их устойчивость к засолению почвы, в связи с разработкой методов оценки селекционных образцов на солеустойчивость: Дис... канд. биол. наук. Краснодар, 2006. 190 с.
4. *Linh, L.H., Linh T.H., Xuan T.D., Ham L.H., Ismail A.M., Tran Dang Khanh T.D.* Molecular Breeding to Improve Salt Tolerance of Rice (*Oryza sativa* L.) in the Red River Delta of Vietnam // *International Journal of Plant Genomics*, Volume 2012. Article ID 949038, 9 p.
5. *Takehisa H., Shimodate T., Fukuta Y. et al.* Identification of quantitative trait loci for plant growth of rice in paddy field flooded with salt water // *Field Crops Research*, 2004. Vol. 89. № 1. P. 85–95.
6. *Sabouri H., Rezaei A.M., Moumeni A. et al.* QTLs mapping of physiological traits related to salt tolerance in young rice seedlings // *Biol. Plant*. 2009. Vol. 53. P. 657–662.