

ПОИСК ИНФОРМАТИВНЫХ МАРКЕРНЫХ СИСТЕМ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ЛОКУСАМИ УСТОЙЧИВОСТИ К СОСУДИСТОМУ БАКТЕРИОЗУ У КАПУСТЫ БЕЛОКОЧАННОЙ*

Елена Викторовна Дубина, доктор биологических наук, профессор РАН

Юлия Александровна Макуха, кандидат биологических наук

Сергей Валентинович Гаркуша, член-корреспондент РАН

Олеся Леонидовна Горун, младший научный сотрудник

Сергей Александрович Лесняк, младший научный сотрудник

ФГБНУ «Федеральный научный центр риса», г. Краснодар, Россия

E-mail: lenakrug1@rambler.ru

Аннотация. В статье приведены результаты исследований по определению информативных ДНК-маркерных систем, обеспечивающих надежный контроль наличия локусов устойчивости к сосудистому бактериозу *Xcc* в селекционном материале капусты белокочанной. На начальном этапе работ 20 молекулярных маркеров, взятых из базы данных VegMarks, были апробированы на контрастных по резистентности к сосудистому бактериозу изогенных линиях капусты белокочанной (устойчивая линия 269-Яс12п-2 и восприимчивая Пи714). Установлено, что только SSR-маркер O110-C01 выявляет полиморфизм между контрастными образцами капусты белокочанной. Проведен ПЦР-анализ на растениях F_2 гибридной комбинации 269-Яс12п-2 \times Пи714 с помощью данного полиморфного маркера и фитопатологическое тестирование. В результате статистического анализа расщепления обнаружено, что SSR-маркер O110-C01 – сонаследуемый с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу, поскольку по этому локусу наблюдается ожидаемая сегрегация растений F_2 по генотипу 1:2:1 согласно закону Менделя и оптимальная частота рекомбинации между локусом устойчивости *Xcc* и маркером (13,7%).

Ключевые слова: капуста белокочанная, сосудистый бактериоз, SSR-маркеры, сегрегирующая популяция, ПЦР-анализ

SEARCH FOR INFORMATIVE MARKER SYSTEMS ASSOCIATED WITH LOCI OF RESISTANCE TO VASCULAR BACTERIOSIS IN CULTIVATED CABBAGE

E.V. Dubina, *Grand PhD in Biological Sciences, Professor of the RAS*

Yu.A. Makukha, *PhD in Biological Sciences*

S.V. Garkusha, *Corresponding member of the RAS*

O.L. Gorun, *Junior Researcher*

S.A. Lesnyak, *Junior Researcher*

Federal Scientific Rice Centre, Krasnodar, Russia

E-mail: lenakrug1@rambler.ru

Abstract. This article presents the results of studies on the determination of informative DNA marker systems that provide reliable control of the presence of *Xcc*-loci of resistance to black rot in the breeding material of white cabbage. At the initial stage of the work, 20 molecular markers taken from the VegMarks database were tested on isogenic cabbage lines contrasting in resistance to black rot (resistant line 269-Yas12p-2 and susceptible line Pi714). It was found that only the SSR marker O110-C01 reveals polymorphism between contrasting samples of white cabbage. PCR analysis with the use of this polymorphic marker and phytopathological testing have been also performed on F_2 plants of the hybrid combination 269-Yas12p-2 \times Pi714. As a result of the statistical analysis of cleavage, it was found that the SSR marker O110-C01 is co-inherited with a trait of resistance to black rot, since the expected segregation of F_2 plants by genotype 1:2:1 according to Mendel's law by this locus and the optimal frequency of recombination between the *Xcc* resistance locus and the marker (13.7%) are observed.

Keywords: white cabbage, black rot, SSR-markers, segregating population, PCR-analysis

Сосудистый бактериоз капусты белокочанной приводит к значительным потерям урожая (более 50%) во всем мире при наличии благоприятных условий для бактерии. [12] Это заболевание связано с поражением проводящей системы растения, при котором бактерия *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Pammel) Dowson проникает в силему, колонизирует мезофилл и далее распространяется по тканям. Образуются хлорозные V-образные пятна, приводящие к некрозу и гибели всего растения. [8, 13, 14] Составление алгоритма мероприятий по предупреждению данной болезни – тру-

доемкий процесс, так как расовый состав патогена очень разнообразен. Выявлено 11 рас *Xcc*, из которых на Юге России самые распространенные и опасные 1 и 4 расы. [3, 7, 15] В селекции капусты белокочанной (*B. oleracea*) источники устойчивости к основным поражающим расам *Xcc* (1 и 4) присутствуют чаще у генотипов А и В (*B. rapa* и *B. nigra*), редко встречаются в геноме С (*B. oleracea*). [11] Например, в работе Sharma et.al. (2016) идентифицирован ген устойчивости к 1 расе патогена *Xca1bc* и имеются эффективные маркеры для его определения. [11] Для *B. oleracea* изучение

* Работа выполнена при финансовой поддержке Кубанского научного фонда, ФГБНУ «Федеральный научный центр риса» в рамках научного проекта № МФИ-П-20.1/41 / The work was carried out with the financial support of the Kuban Scientific Foundation, the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Rice Research Center" within the framework of the scientific project No. IFI-P-20.1/41.

закономерностей наследования устойчивости к сосудистому бактериозу затруднено, так как оно носит полигенный характер. [6] В работе Lee (2015) на восьми хромосомах из девяти у *B. oleracea* было картировано 14 ассоциированных с устойчивостью к *Xcc* QTL, четыре из них относились к основным локусам, влияющим на признак. [9] Tonu et al. (2013) выявил наиболее значимые QTLs: главный *Xcc Bo (Reiho) 1*, минорные *Xcc Bo (Reiho) 2* и *Xcc Bo (GC1)*, а также ближайшие маркеры к этим локусам. [13] Afrin et al. (2018) некоторые из этих маркеров (9 SSR и 1 InDel) апробировали на 27 инбредных линиях капусты, устойчивых к разным расам патогена. Результаты сопоставления молекулярного скрининга и фитопатологических тестов позволили отобрать пять маркеров, способных отличать устойчивые формы от поражаемых. [6] Однако универсальную ДНК-маркерную систему на такой сложный полигенный признак создать к данному моменту не удалось. Поэтому проведение молекулярно-генетических исследований, связанных с поиском и разработкой эффективных молекулярных маркеров остается актуальной проблемой для генетики и селекции капусты белокочанной, решение которой позволит сократить некоторые этапы селекционного процесса, получить ценные устойчивые генотипы с нужными биологическими свойствами.

Цель работы – определение информативных ДНК-маркерных систем, сцепленных с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу у капусты белокочанной.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объект исследования – контрастные формы капусты белокочанной (устойчивая изогенная линия 269-Яс12п-2 и восприимчивая Пи714) к сосудистому бактериозу, а также 102 растения поколения F₂ гибридной комбинации 269-Яс12п-2 x Пи714, отобранные в отделе овощекртофелеводства ФГБНУ «ФНЦ риса».

ДНК из листьев капусты выделяли по схеме Мюррея и Томпсона с использованием цетилтриметиламмоний бромида (СТАВ) в качестве лизирующего буфера растительных клеток. [10]

В ходе молекулярно-генетических исследований по идентификации аллелей устойчивости к сосудистому бактериозу у капусты белокочанной применяли нейтральные кодоминантные микросателлитные (SSR) маркеры, взятые из базы данных VegMarks на сайте <https://vegmarks.nivot.affrc.go.jp/VegMarks/app/page/home>. Нуклеотидные последовательности праймеров представлены в таблице 1.

Аmplификацию ДНК проводили в амплификаторах Терцик и Bio Rad с оптимизацией условий ПЦР. При апробации маркеров из базы данных VegMarks использовали протокол амплификации с градиентом температуры отжига праймеров: первичная денатурация – 15 мин. при 95°C; денатурация – 2 мин., 94°C; следующие 25 циклов: денатурация – 2 мин., 94°C, 1 мин., отжиг праймеров – 30 с при 65°C, синтез – 45 с, 72°C; затем каждый второй цикл температуру отжига понижают на 1°C до достижения температуры 55°C и остальные 20 циклов: денатурация – 1 мин., 94°C, отжиг праймеров – 30 с, 55°C, синтез – 45 с, 72°C, завершающий цикл синтеза – 1 мин. при 72°C.

Разделение продуктов амплификации осуществляли методом электрофореза в 2%-ом агарозном геле

Таблица 1.
Нуклеотидная последовательность праймеров для капусты белокочанной

| Маркер | Дизайн последовательности праймеров |
|-----------|---|
| AF458409 | F- AGAAAGCAGACGGGAATGG R- TGGTTAAAGCGAAAGTGTGC |
| BZ523957 | F- ATTATGACGCCTGGTTTAA R- TTGGTTAGAAGTTATGGGAAC |
| CC969431 | F- AAGCCACCTCACCTTAGCC R- GAAATCCAGAGACTGAAAACC |
| CC969459 | F- CCAAAGATTAGAGGAAATGG R- GCGTCAAAAACGGTGTGC |
| 0110-B04 | F- ATCTTCTCAGTTCATGC R- CGAATCTTGAAGTTCGACCC |
| 0110-B08 | F- AAGCTGTTGATGAATGCC R- ACTTGTTCATCCATTGCC |
| 0110-C01 | F- ATGACTGCTTAAACAGCGCC R- CTCTCCAACAAAAGCTCGG |
| 0110-C10a | F- AAGAAGGCGTAGAGATTGCC R- GCAGATAAGATTCCGAGTCCC |
| 0110-C10b | F- AAGAAGGCGTAGAGATTGCC R- GCAGATAAGATTCCGAGTCCC |
| 0110-D01 | F- TCTCTGCCAAAAGCAAATAGC R- CTTGGCTCTCTCACCACC |
| 0110-D02 | F-CATTCTCAATGATGATGATTTTGG R- CCATTGATATGGAGATGGGG |
| 0110-D08 | F- TCCGAACACTTAAGTTAGCTCC R- GAGCTGATGTCTCCCGTGC |
| 0110-F06 | F- CATTGGTTTATGTCATTCGTGC R- AATTCAAAACCTGCCGACG |
| 0110-G05 | F- TCAATGCTCTGTAGTCTTTGACC R- AGAATGAGAGCGTGGAGAGG |
| 0111-B05 | F- TCGCGACGTTGTTTGTTC R- ACCATCTTCTCGACCCCTG |
| 0111-H06 | F- TCCGAACACTTAAGTTAGCTCC R- TTCTCACTTACAGGCACG |
| 0111-H09 | F- CCCTTTTCCCCTTCTATTGG R- GTGCGACTGGAAATTTCTCC |
| 0112-A04 | F- TGGGTAAGTAACTGTGGTGGC R- AGAGTTCGCATACTCTGGAGC |
| 0112-G04 | F- CGAACACTCTTAGGCCGAATC R- GGTTAACTCGGGGATATTG |
| 0113-C12 | F- AGAGGCCAACAAAAGAACACC R- GAAGCAGCACCAGTGACAAG |

(80 мин.) при напряжении 130. [4] Визуализация результатов электрофореза в УФ-свете с использованием геледокументирующей системы GelDocXR+.

Для фитопатологического тестирования на устойчивость к сосудистому бактериозу проводили инокуляцию растений капусты белокочанной в фазе 5...7 листьев путем опрыскивания в стадию гуттации водной суспензией бактерий. Для заражения брали изоляты *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Pammel) Dowson местной популяции патогена, относящиеся к самой распространенной в Краснодарском крае расе 1. Оценивали поражаемость образцов в динамике роста и развития растений по пятибалльной шкале Студенцова через 14 дн. после инокуляции. [2] При подсчете результатов фитопатологического тестирования на устойчивость к сосудистому бактериозу растения, имеющие степень поражения 2...4 балла, считались неустойчивыми по фенотипу, 0...1 балл – устойчивыми.

Таблица 2.

Анализ сонаследования SSR-маркера среди растений сегрегирующей популяции F₂

| Маркер | F ₂ -растения гибридной комбинации 269-Яс12п-2 × Пи714 | | | | | | | | Частота рекомбинации, % |
|----------|--|------|----------------|------|--------------------------------------|-----|-----|-----|----------------------------|
| | Сегрегация растений | | | | Маркер / Устойчивость к фузариозу | | | | |
| | по генотипу | | по фенотипу | | R/+ | | S/+ | | |
| | +: ±: | - | χ ² | R:S | χ ² | R/+ | S/+ | R/- | |
| O110-C01 | 26:52:24 | 0,23 | 40:62 | 10,1 | 40 | 38 | 0 | 24 | 13,7 |

Примечание. R – устойчивость; S – неустойчивость; «+» – присутствует молекулярный маркер, «-» – отсутствует. Для уровня значимости $p=0,05$ и $d.f. = 1$ критическое значение $\chi^2(\text{крит.})=3,84$, $d.f. = 2$ $\chi^2(\text{крит.}) = 5,99$.

Чтобы оценить значимость различий в расщеплении в сегрегирующих популяциях между фактическим числом растений в выборке и теоретически ожидаемым использовали метод χ^2 (хи-квадрат). [1]

Частоту рекомбинации между локусом устойчивости к сосудистому бактериозу Xcc и молекулярными маркерами рассчитывали, как отношение числа растений с наличием или отсутствием ДНК-маркера, несоответствующих фенотипическому проявлению признака устойчивости к фузариозу к общему числу растений, умноженное на 100. [5]

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На первом этапе работ в молекулярно-генетических исследованиях по выявлению информативных ДНК-маркерных систем для идентификации аллелей устойчивости к сосудистому бактериозу SSR-маркеры, взятые из базы данных VegMarks, были апробированы на контрастных по резистентности к сосудистому бактериозу изогенных линиях капусты белокочанной (табл. 1). Из этих маркеров информативным оказался только O110-C01 (рис. 1, 2-я стр. обл.).

На следующем этапе исследований данный полиморфный маркер апробирован на 102 растениях сегрегирующей популяции F₂ для изучения его сонаследования с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу (рис. 2, 2-я стр. обл.).

На электрофореграмме заметно, что уже среди первых проанализированных 15 растений поколения F₂ по локусу O110-C01 выявлены все виды генотипов. Растения № 10, 11, 15 – гомозиготы по рецессивной аллели (несут аллель устойчивости размером 234 п.н.), № 2, 8, 9 – гомозиготны по доминантной аллели восприимчивости размером 217 п.н., № 1, 3...7, 12...14 – гетерозиготны.

Одновременно с ДНК-анализом для проверки информативности отобранных маркеров проводили фитопатологическое тестирование этих же растений сегрегирующих популяций. Оценивали поражаемость образцов сосудистым бактериозом в динамике роста и развития растений по шкале Студенцова. [2] По результатам фитопатологического тестирования установлено, что симптомы поражения сосудистым бактериозом у растений гибридной комбинации 269-Яс12п-2 × Пи714 соответствовали 1 и 2 баллам (рис. 3, 2-я стр. обл.).

На рисунке 3 А (2-я стр. обл.) видны усыхания отдельных мелких пятен на краях пластинок листьев (1 балл поражаемости) крупные усыхания бурого или коричневого цвета, имеющие V-образную форму, окаймленную узким светло-зеленым ореолом отмирающих клеток, что соответствует 2 баллам поражаемости (рис. 3 Б, 2-я стр. обл.).

На заключительном этапе исследования сравнивали результаты ПЦР по локусу O110-C01 растений сегрегирующей популяции с результатами фитопатологического тестирования для установления сонаследования данного маркера с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу (табл. 2).

Растения F₂ по локусу O110-C01 имеют соотношение по генотипу 26:52:24, что соответствует менделевскому закону расщепления 1:2:1 и подтверждается статистическим анализом ($\chi^2 = 0,23 < \chi^2(\text{крит.}) = 5,99$). Окончательное соотношение по фенотипу – 40 (устойчивые):

62 (неустойчивые), что не удовлетворяет менделевскому 3:1, так как устойчивость к сосудистому бактериозу обладает полигенным рецессивным характером наследования ($\chi^2 = 10,1 > \chi^2(\text{крит.}) = 3,84$. [8] Была рассчитана частота рекомбинации между локусом устойчивости к сосудистому бактериозу Xcc и маркером O110-C01, обнаружено, оптимальное значение по локусу (менее 20%), что говорит о сцепленном наследовании данного маркера с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу.

Таким образом, из всех проанализированных маркеров только SSR-маркер O110-C01 – информативный кодоминантный, сонаследуемый с признаком устойчивости к сосудистому бактериозу. Он будет включен в селекционный процесс для ускоренного создания устойчивых генотипов капусты белокочанной к сосудистому бактериозу на юге России, с повышенной урожайностью и нужными селекционеру биологическими свойствами.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

- Батин Н.В. Компьютерный статистический анализ данных. Минск, 2008. 160 с.
- Королева С.В., Дякунчак С.А., Ситников С.В. Иммунологическая оценка селекционного материала при создании гибридов F₁ белокочанной капусты с групповой устойчивостью к фузариозу и сосудистому бактериозу (методические рекомендации). М., 2012. 16 с.
- Королева С.В., Дякунчак С.А., Юрченко С.А. Создание гибридов F₁ капусты белокочанной с комплексной устойчивостью на юге России // Овощи России. 2019. № 4. С. 16–20. <https://doi.org/10.18619/2072-9146-2019-4-16-20>
- Кутлунина Н.А., Ермошин А.А. Молекулярно-генетические методы в исследовании растений. Екатеринбург, 2017. 142 с.
- Нгуен М.Л., Монахос Г.Ф., Комахин Р.А., Монахос С.Г. Новый локус устойчивости к киле в хромосоме A05 капусты пекинской (*Brassica rapa* L.) // Генетика. 2018. Т. 54. № 3. С. 306–315.
- Afrin K.S., Rahim M.A., Park J. et al. Screening of Cabbage (*Brassica oleracea* L.) Germplasm for Resistance to Black Rot. Mol. Biol. Rep. 2018. No. 5. PP. 773–785. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4217-5>
- Cruz J., Tenreiro R., Cruz L. Assessment of Diversity *Xanthomonas campestris* Pathovars Affecting Cruciferous Plants in Portugal and Disclosure of two novel Xcc races. Plant Pathol. 2017. No. 9. PP. 403–414 <https://doi.org/10.4454/jpp.v99i2.3890>
- Kifuji Y., Hanzaea H., Terasawa Y., Nishio T. QTL analysis of black rot resistance in cabbage using newly developed EST-

- SNP markers. *Euphytica*. 2013. No. 190. PP. 289–295. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0847-1>
- Lee J., Izzah N.K., Jayakodi V. Genome-wide SNP identification and QTL mapping for black rot resistance in cabbage. *BMC Plant Biol.* 2015. No. 15 (32). P. 11. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0424-6>
 - Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*. 1980. V. 10. P. 4321–4325.
 - Sharma B.B., Kalia P., Yadava D.K. et al. Genetics and molecular mapping of black rot resistance locus Xca1bc on chromosome B-7 in Ethiopian mustard. *PLoS ONE*. 2016. No. 11 (3). P. 13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152290>
 - Singh D., Raghavendra B.T., Singh P. et al. Detection of black rot disease causing pathogen *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* by bio-PCR from seeds and plant parts of cole crops *Seed Sci. & Technol.* 2014. No. 42. PP. 36–46. <http://doi.org/10.15258/sst.2014.42.1.04>
 - Tonu N.N., Doullah M.A., Shimizu M. et al. Comparison of Positions of QTLs Conferring Resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in *Brassica oleracea*. *American Journal of Plant Sciences*. 2013. No. 4. PP. 11–20. <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2013.48A002>
 - Vicente J.G., Holub E.B. *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (cause of black rot of crucifers) in the genomic era is still a worldwide threat to brassica crops. *Mol. Plant Pathol.* 2013. No. 14 (1). PP. 2–18. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2012.00833.x>
 - Vo Thi Ngok Ha, Dzhililov F.S., Mazurin E. et al. Use of essential oils for disinfection of cabbage seed from black root *Zasch. Kart.* 2014. No. 2. PP. 26–28 http://www.kartofel.org/zakart/zakart2_2014.pdf
 - Nguen M.L., Monakhos G.F., Komakhin R.A., Monakhos S.G. New resistance locus to clubroot in chromosome A05 of Chinese cabbage (*Brassica rapa* L.) // *Rus. J. Genetics*. 2018. V. 54. № 3. P. 306–315.
 - Afrin K.S., Rahim M.A., Park J. et al. Screening of Cabbage (*Brassica oleracea* L.) Germplasm for Resistance to Black Rot. *Mol. Biol. Rep.* 2018. No. 5. PP. 773–785. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4217-5>
 - Cruz J., Tenreiro R., Cruz L. Assessment of Diversity *Xanthomonas campestris* Pathovars Affecting Cruciferous Plants in Portugal and Disclosure of two novel Xcc races. *Plant Pathol.* 2017. No. 9. PP. 403–414 <https://doi.org/10.4454/jpp.v99i2.3890>
 - Kifuji Y., Hanzaea H., Terasawa Y., Nishio T. QTL analysis of black rot resistance in cabbage using newly developed EST-SNP markers. *Euphytica*. 2013. No. 190. PP. 289–295. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0847-1>
 - Lee J., Izzah N.K., Jayakodi V. Genome-wide SNP identification and QTL mapping for black rot resistance in cabbage. *BMC Plant Biol.* 2015. No. 15 (32). P. 11. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0424-6>
 - Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*. 1980. V. 10. P. 4321–4325.
 - Sharma B.B., Kalia P., Yadava D.K. et al. Genetics and molecular mapping of black rot resistance locus Xca1bc on chromosome B-7 in Ethiopian mustard. *PLoS ONE*. 2016. No. 11 (3). P. 13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152290>
 - Singh D., Raghavendra B.T., Singh P. et al. Detection of black rot disease causing pathogen *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* by bio-PCR from seeds and plant parts of cole crops *Seed Sci. & Technol.* 2014. No. 42. PP. 36–46. <http://doi.org/10.15258/sst.2014.42.1.04>
 - Tonu N.N., Doullah M.A., Shimizu M. et al. Comparison of Positions of QTLs Conferring Resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in *Brassica oleracea*. *American Journal of Plant Sciences*. 2013. No. 4. PP. 11–20. <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2013.48A002>
 - Vicente J.G., Holub E.B. *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (cause of black rot of crucifers) in the genomic era is still a worldwide threat to brassica crops. *Mol. Plant Pathol.* 2013. No. 14 (1). PP. 2–18. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2012.00833.x>
 - Vo Thi Ngok Ha, Dzhililov F.S., Mazurin E. et al. Use of essential oils for disinfection of cabbage seed from black root *Zasch. Kart.* 2014. No. 2. PP. 26–28 http://www.kartofel.org/zakart/zakart2_2014.pdf

REFERENCES

- Batin N.V. *Komp'uterniy statisticheskiy analiz dannykh*. Minsk, 2008. 160 s.
- Koroleva S.V., Dyakunchak S.A., Sitnikov S.V. *Immunologicheskaya otsenka selektsionnogo materiala pri sozdanii gibridov F1 belokochannoy kapusty s gruppovoy ustoychivost'yu k fusariozu i sosudistomu bakteriozu (metodicheskie rekomendatsii)*. M., 2012. 16 s.
- Koroleva S.V., Dyakunchak S.A., Yurchenko S.A. Development of F₁ hybrids of cabbage with complex resistance in the south of Russia. *Vegetable crops of Russia*. 2019; 4: 16–20. <https://doi.org/10.18619/2072-9146-2019-4-16-20>
- Kutlunina N.A., Ermoshin A.A. *Molekulyarno-geneticheskie metody v issledovanii rasteniy*. Ekaterinburg, 2017. 142 s.

Поступила в редакцию 29.09.2023

Принята к публикации 13.10.2023

Рисунки к статье Дубиной Е.В. и др. «Поиск информативных маркерных систем, ассоциированных с локусами устойчивости к сосудистому бактериозу у капусты белокочанной» (стр. 15)

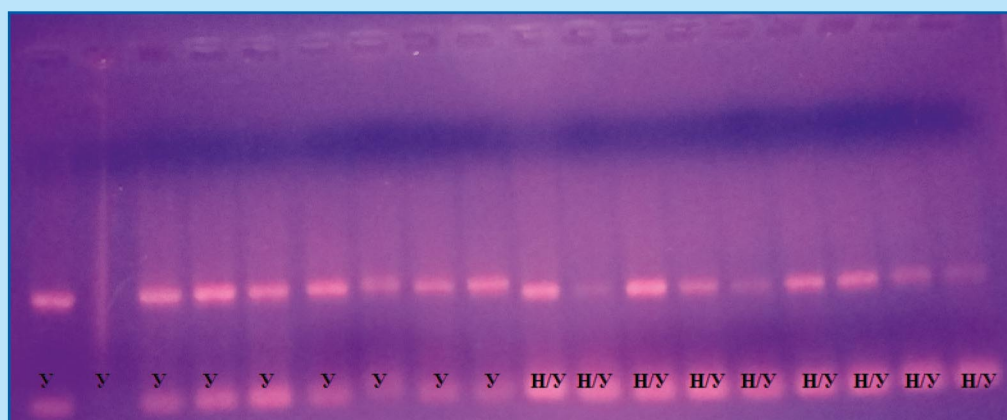


Рис. 1. Визуализация продуктов ПЦР по локусу OI10-C01 в 2%-ом агарозном геле. У – изогенная устойчивая линия 269-Яс12п-2, Н/У – изогенная неустойчивая Пи714.

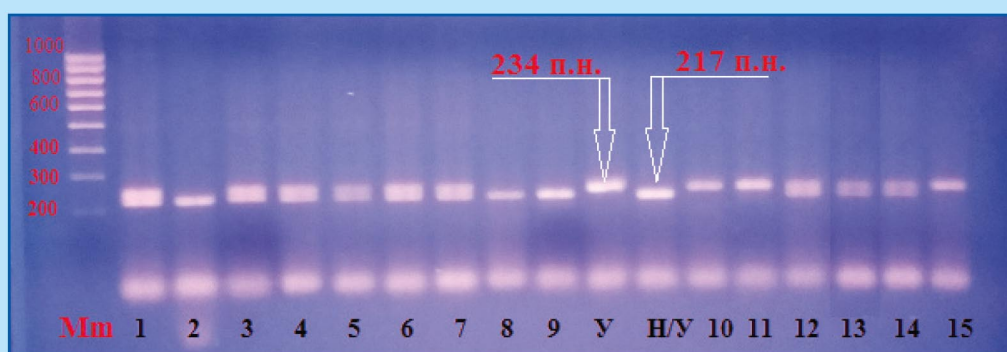


Рис. 2. Разделение продуктов амплификации растений поколения F₂ гибридной комбинации 269-Яс12п-2 × Пи714 по локусу OI10-C01. Mm – маркер молекулярной массы, 1...15 – растения поколения F₂ гибридной комбинации 269-Яс12п-2 х Пи714, У – изогенная устойчивая линия 269-Яс12п-2, Н/У – изогенная неустойчивая Пи714.



А



Б

Рис. 3. Симптомы поражения сосудистым бактериозом: А – 1 балл, Б – 2 балла.