

О. А. Межнина, О. Ю. Урбанович

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ СОРТОВ СМОРОДИНЫ ЧЕРНОЙ (*RIBES NIGRUM*) В БЕЛАРУСИ

Исследование генетического разнообразия выращиваемых в Беларуси сортов смородины черной (*Ribes nigrum*) с использованием 7 маркеров-локусов микросателлитных последовательностей показало, что современные сорта белорусской селекции генетически тесно связаны с сортами селекции других стран. Количество аллелей в изученных локусах составило от 3 до 11. Среднее количество уникальных генотипов на маркер среди 60 образцов – 16,3. Дискриминационная сила маркеров варьировалась от 0,5 до 0,87 и в среднем составила 0,71. Все маркеры имеют достаточно высокую диагностическую ценность и позволяют проводить идентификацию на молекулярном уровне, поэтому могут быть рекомендованы для ДНК-идентификации сортов смородины черной.

Ключевые слова: смородина черная, SSR-маркеры, генетическое разнообразие, ДНК-идентификация.

O. A. Mezhnina, O. Yu. Urbanovich

Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

GENETIC VARIABILITY OF BLACCURRANT VARIETIES (*RIBES NIGRUM*) IN BELARUS

The study of genetic variability of *Ribes nigrum* varieties grown in Belarus with using of 7 microsatellite markers showed that modern Belarussian varieties have close genetic relationship with foreign varieties. The numbers of alleles in the studied loci were from 3 to 11. The average number of unique genotype among 60 samples was 16.3. The discrimination power of markers varied from 0.5 to 0.87 and the mean value was 0.71. All markers possess rather high diagnostic value and allow to identify black currant varieties at the molecular level and can be recommended for DNA-identification of those cultures.

Keywords: black currant, SSR-markers, genetic variability, DNA-identification.

Введение. Род смородина *Ribes* L. включает более 150 видов, распространенных в умеренных широтах Восточной и Северной Европы, Северной Америки, некоторые виды произрастают в Южной Америке и Северо-Восточной Африке [1]. Ранее род *Ribes* в систематической классификации относился к семейству Камнеломковые (Saxifragaceae), в настоящее время данный род относится к семейству Крыжовниковые (Grossulariaceae) [2, 3]. Коммерческий интерес представляют такие виды, как смородина черная (*Ribes nigrum* L.), смородина красная (*Ribes rubrum* L) и крыжовник (*Ribes uva-crispa* L.), некоторые виды используются в качестве декоративных растений (*Ribes aureum*, *Ribes sanguineum* Pursh.). В настоящее время селекция смородины направлена на создание высокоурожайных сортов с повышенным содержанием биологически активных компонентов в плодах (флавоноиды), устойчивых к основным болезням и вредителям [4]. При создании таких сортов полезным является знание генетического родства подбираемых для скрещивания пар, что не всегда возможно на основе систематических данных и морфологических признаков.

Для изучения генетического разнообразия смородины черной первоначально предложено несколько вариантов неспецифических молекулярных маркеров: RAPD [5–7], AFLP [8, 9], ISSR [6, 10]. Однако каждая из перечисленных систем идентификации имеет определенные проблемы с воспроизводимостью в различных лабораториях. Позднее разработаны EST-SSR- и SNP-маркеры [11, 12]. В 2002 г. учеными из Шотландского НИИ сельскохозяйственных культур предложен набор из 12 микросателлитных маркеров [13]. Результаты, полученные с помощью SSR-маркеров, легко интерпретируются и воспроизводятся. Кроме того, микросателлитные маркеры наследуются по кодоминантному принципу и поэтому получили широкое применение для картирования генома и анализа генетической структуры популяции [14]. SSR-маркеры использовали

для оценки генетического разнообразия европейских представителей рода *Ribes* L. [15–17]. Полиморфизм сортов смородины черной из коллекции Всероссийского НИИ селекции плодовых культур (ВНИИСПК) оценен по 14 микросателлитным локусам [18]. Однако к настоящему времени не существует универсальной методики ДНК-идентификации смородины черной, а на молекулярном уровне изучено лишь ограниченное количество сортов. Сорты белорусской селекции остаются неисследованными. Не установлено, каким генетическим потенциалом они обладают и какие наборы маркеров эффективны для их идентификации.

Цель исследования – изучение генетического потенциала сортов смородины черной, культивируемых в Республике Беларусь, и выявление сета маркеров для их идентификации.

Материалы и методы исследования. Для молекулярного анализа была сформирована коллекция сортов смородины черной (*Ribes nigrum*), представленных РУП «Институт плодоводства». Коллекция включала 60 сортов, имеющих различное генетическое происхождение, в частности сорта селекции Беларуси, России, Украины, Швеции, Литвы.

Выделение тотальной ДНК из фрагмента листа отдельного растения осуществляли с помощью набора Genomic DNA Purification Kit (Thermo scientific, ЕС), согласно методике производителя.

Для анализа полиморфизма по SSR-маркерам использовали мультиплексную ПЦР с 4 и 3 парами праймеров в одной реакции. Каждая пара имела специфическую флуоресцентную метку (FAM, R6G, TAMRA, ROX). В исследовании использовали SSR-маркеры, специфичные для генома *Ribes* L. Название SSR-маркеров, длина и количество выявляемых аллелей и их локализация в геноме приведены в табл. 1. Праймеры синтезированы компанией «Праймтех» (Беларусь).

Таблица 1. Название SSR-маркеров, длина и количество выявляемых аллелей и их локализация в геноме

Table 1. The name of the SSR markers, the length and number of detected alleles and their localization in the genome

Локус	Размер аллеля, п. н.	К-во аллелей	Хромосома
g1-E03	233, 239 241, 243, 247, 254, 262, 270	8	1
g2-G12	167, 171, 173, 177, 179, 181, 183 185, 187, 189, 191	11	7
e1-001	144, 146, 148, 150, 152, 154, 160, 166	8	6
g1-M07	200, 202, 204, 206, 208, 210, 212, 214, 220, 226, 230	11	1
g1-A01	209, 211, 213	3	5
g1-K04	284, 286, 292, 294, 298, 300	6	1
e3-B02	161, 163, 166, 183	4	5

Состав реакционной смеси (конечный объем 20 мкл) был следующий: 1 × ПЦР буфер с $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, 1,5 мМ MgCl_2 , 200 мкМ смеси dNTP, 0,2 мкМ каждого из праймеров, 20–50 нг ДНК и 1 ед. Taq-полимеразы (Thermo scientific, ЕС). Реакцию ПЦР проводили по следующей программе: 1 цикл продолжительностью 4 мин при 94 °С; 35 циклов, включающих: 30 с при 94 °С, 45 с при 50 °С, 45 с при 72 °С; заключительная элонгация – 5 мин при 72 °С.

Разделение фрагментов ПЦР выполняли на секвенаторе 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Размер фрагментов рассчитывали с помощью компьютерной программы GeneMapper® Software v4.1 относительно стандартных образцов ДНК известной длины. В качестве стандарта молекулярного веса использовали внутренний стандарт S450 («Синтол», РФ).

Частота встречаемости аллелей рассчитывалась как отношение полиморфных фрагментов к общему количеству выявляемых фрагментов амплификации для каждого маркера. Дендрограмма генетического сходства сортов получена с помощью программы Treescan [19] методом UPGMA, основываясь на коэффициенте генетического сходства Nei и Li [20]. Дискриминационную силу маркера (PD) рассчитывали по формуле $PD = 1 - \sum (g_i)^2$, где g_i – частота встречаемости i -го генотипа [21].

Результаты и их обсуждение. Состав аллелей локусов микросателлитных последовательностей определяли для 60 сортов смородины черной. Генетическое разнообразие оценивали с помощью 7 SSR-маркеров, расположенных на разных хромосомах в геноме *Ribes* L. Наименее полиморфными

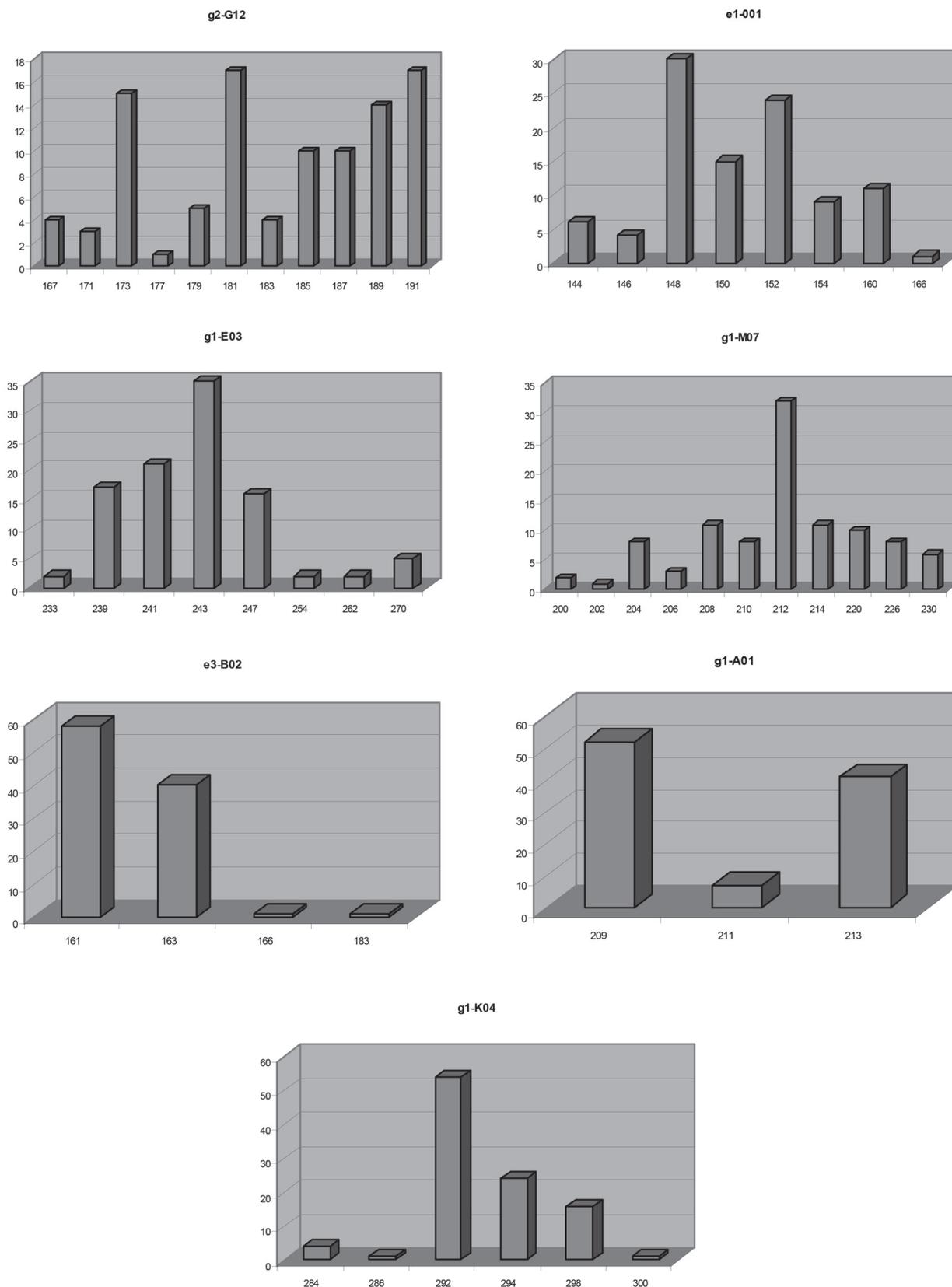


Рис. 1. Состав и частота встречаемости аллелей в локусах g2-G12, e1-001, g1-M07, e3-B02, g1-A01, g1-E03, g1-K04 среди 60 генотипов *Ribes nigrum*

Fig. 1. The composition and frequency of occurrence in the loci g2-G12, e1-001, g1-M07, e3-B02, g1-A01, g1-E03, g1-K04 among 60 genotypes of *Ribes nigrum*

оказались локусы e3-B02 и g1-A01. Количество обнаруженных в них аллелей составило 4 и 3 соответственно. В локусе g1-K04 выявлено 6 аллелей, в локусах g1-E03 и e1-001 – 8. Максимальное количество аллелей выявлено в локусах g2-G12 и g1-M07 – 11 (табл. 1). В общей сложности среди 60 сортов смородины черной с использованием 7 SSR-маркеров выявлен 51 полиморфный аллель. Среднее значение количества аллелей на локус составило 7,3. При этом сорта белорусской селекции оказались менее полиморфными (в среднем 4,7 аллеля на локус), чем сорта зарубежной селекции (в среднем 7,1 аллеля на локус). Наблюдаемые различия могут быть связаны с тем, что количество исследованных белорусских сортов было значительно меньше, чем зарубежных, – 10 и 50 соответственно. Этот же показатель среди европейских представителей рода *Ribes L.*, определенный с использованием 11 SRR-маркеров, составил 10,4 [17]. Среднее количество аллелей на локус, определенное с помощью 14 маркеров для 27 образцов смородины черной из коллекции ВНИИСПК, составило 4,9 [18]. Выявленное в нашем исследовании количество аллелей отличается от количества аллелей, полученных в предыдущих исследованиях, как в большую, так и в меньшую сторону, так как использованы выборки, различающиеся по объему и составу генотипов. Для каждого локуса определялись длина аллелей у конкретного сорта и количество полиморфных фрагментов. Частота встречаемости аллелей среди исследованных образцов представлена на рис. 1.

В общей сложности у 60 образцов выявлено 11 редких аллелей (у 2 % и менее образцов). В зависимости от маркера количество редких аллелей составило от 1 до 3. Для отдельных аллелей частота встречаемости была очень высокой. Так, в локусе e3-B02 аллель длиной 161 п. н. был представлен в геноме у 58 % исследованных образцов, в локусе g1-K04 аллель длиной 292 п. н. встречался у 52 % образцов. При этом общее количество аллелей, определенное с помощью данных маркеров, составило 4 и 3 соответственно.

Данные о количестве и доле уникальных генотипов, дискриминационной силе маркеров для 60 сортов смородины черной приведены в табл. 2.

Т а б л и ц а 2. Количество и доля уникальных генотипов, дискриминационная сила маркера (PD), рассчитанные для 60 сортов смородины черной

Table 2. The number and proportion of unique genotypes, the discriminatory power of the marker (PD) is calculated for the 60 varieties of black currant

SSR-маркер	К-во полиморфных фрагментов	К-во уникальных генотипов	Доля уникальных генотипов, %	PD
g2-G12	11	31	52	0,87
e1-001	9	17	28	0,8
g1-M07	11	27	45	0,84
e3-B02	6	5	8	0,5
g1-A01	5	4	7	0,55
g1-E03	10	19	32	0,77
g1-K04	8	11	18	0,62
Среднее значение	8,6	16,3	27	0,71

Среди сортов смородины черной максимальное количество уникальных генотипов (31) выявлено с помощью маркера g2-G12, минимальное – при использовании маркеров e3-B02 и g1-A01 (5 и 4 соответственно). Среднее значение количества уникальных генотипов для 7 маркеров составило 16,3. Дискриминационная сила маркеров достаточно высокая – от 0,5 для маркера e3-B02 до 0,87 для маркера g2-G12, среднее значение PD для 7 маркеров – 0,71, что говорит о высокой диагностической ценности отобранных SSR-маркеров.

На основе рассчитанных генетических дистанций между сортами проведен кластерный анализ и сформировано единое консенсусное дерево, в каждом узле которого указан процент поддержки данного кластера (рис. 2).

Как видно из представленной дендрограммы, все сорта отличаются друг от друга на генетическом уровне и имеют уникальный состав аллелей в локусах микросателлитных последовательностей. Генетические расстояния между образцами колеблются в пределах от 0,15 до 0,61.

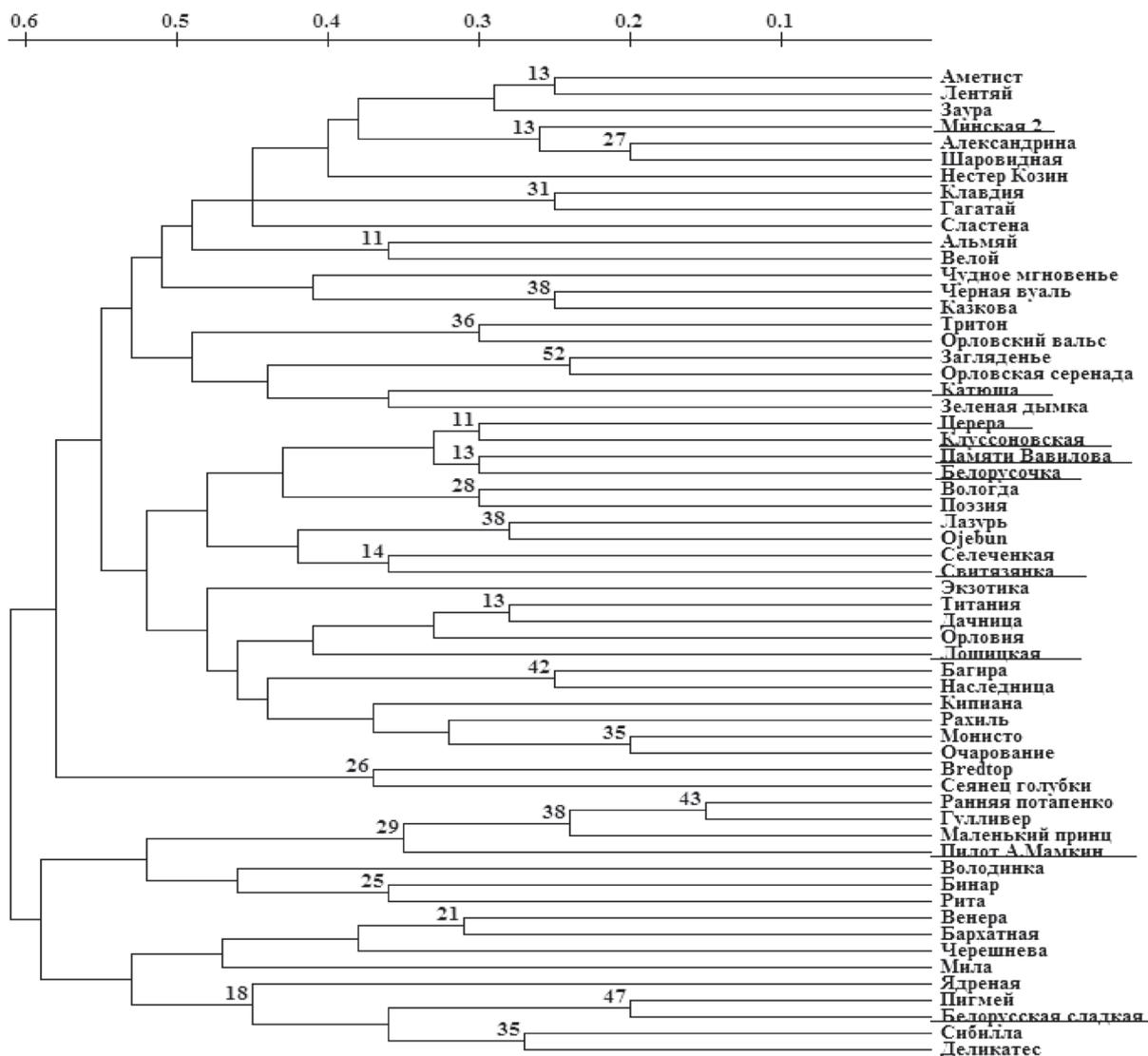


Рис. 2. Дендрограмма генетического сходства сортов смородины черной, построенная на основе результатов SSR-анализа. Подчеркиванием обозначены сорта белорусской селекции

Fig. 2. Dendrogram of genetic similarity of cultivars of black currant, built on the basis of the results of SSR-analysis. Varieties of the Belarusian selection are underlined

Культурные сорта смородины черной достаточно разнообразны и формируют отдельные кластеры, в которые входят сорта как белорусской, так и зарубежной селекции. Один из кластеров объединяет группу сортов белорусской селекции, таких как Церера, Клуссоновская, Памяти Вавилова и Белорусочка, имеющих в своей родословной сорт Паулінка. Сорта Церера, Клуссоновская и Белорусочка произошли от одной комбинации скрещивания (Паулінка × Пилот Александр Мамкин). При создании сорта Памяти Вавилова использована следующая комбинация скрещивания: Паулінка × Белорусская сладкая.

Состав аллелей в анализируемых локусах позволяет получить уникальную формулу сорта и создать его паспорт. Молекулярно-генетические паспорта 10 сортов смородины черной белорусской селекции приведены в табл. 3.

При необходимости предложенный набор маркеров может быть дополнен или изменен. В целом, современные сорта смородины черной белорусской селекции генетически связаны с сортами зарубежной селекции. Это является следствием тенденции селекционного процесса, который направлен на сочетание в новых сортах лучших качеств местных и иностранных сортов.

Таблица 3. Молекулярно-генетические паспорта сортов смородины черной белорусской селекции

Table 3. Molecular-genetic passports of Belarusian black currant varieties

Название сорта	Длина аллелей в SSR-локусах, п. н.						
	g2G12	e1001	g1M07	E3B02	g1A01	g1E03	K104
Лошицкая	167, 179	144, 148	208	161, 163	209, 213	241	292
Пилот Александр Мамкин	181, 187	154, 160	212, 226	161	213	233, 243	286, 298
Памяти Вавилова	181	148, 152	204, 212	161	209	239, 241	292
Белорусочка	181	148, 152	212, 214	163	209	241, 247	292
Свитязянка	181	148	212, 214	161	209	243, 247	292, 298
Церера	167, 181	148, 152	208, 212	161, 163	209	241, 270	292, 294
Клуссоновская	181	150, 152	212	161	209, 211	241	292, 294
Минская 2	181, 191	148, 150	208, 214	161, 163	213	239, 243	292, 294
Белорусская сладкая	187, 191	150, 160	212, 230	161	209	243, 270	292, 294
Катюша	179	148, 152	210	163	209	239, 243	292

Все сорта смородины черной, несмотря на достаточно высокое генетическое разнообразие данной культуры, позволяет различить относительно небольшой набор из 7 SSR-маркеров. При разработке метода ДНК-идентификации для других культур, характеризующихся меньшим генетическим разнообразием, использовали значительно большее количество маркеров. Так, например, для идентификации сортов ячменя применяли набор из 17 SSR-маркеров [22], для кукурузы – 51 [23], для миндаля – 16 [24].

Таким образом, сформированный набор SSR-маркеров позволил провести идентификацию генотипов представителей рода *Ribes* L. При выборе данного набора учитывали уровень информативности каждого маркера, частоту встречаемости аллелей среди сортов, а также удобство визуализации и анализа продуктов амплификации. Метод SSR-анализа с использованием указанного набора маркеров может успешно применяться для идентификации смородины черной на молекулярном уровне.

Заключение. На основании анализа полиморфизма SSR-аллелей сформирован набор из 7 маркеров, позволяющий проводить генетическую идентификацию сортов смородины черной. Маркеры расположены на разных хромосомах генома *Ribes* L., что дает возможность оценить полиморфизм различных областей. Показатели информативности для выбранных маркеров имеют достаточно высокие значения в сравнении с описанными в литературе. Среднее количество аллелей на locus, определенное с помощью данного набора, составило 8,6. Среднее количество уникальных генотипов в расчете на маркер среди 60 образцов – 16,3. Значение дискриминационной силы для всех маркеров высокое и в среднем составляет 0,71. Таким образом, предложенный набор SSR-маркеров может применяться для идентификации возделываемых в Республике Беларусь сортов смородины черной, охраны авторских прав селекционных учреждений, сохранения уникального коллекционного материала и др.

Список использованных источников

- Shultheis, L. M. Molecular phylogeny and biogeography of *Ribes* (Grossulariaceae), with an emphasis on gooseberries (subg. *Grossularia*) / L. M. Shultheis, M. J. Donoghue // Systematic Botany. – 2004. – Vol. 29. – P. 77–96.
- Cronquist, A. The Evolution and Classification of Flowering Plants / A. Cronquist; The New York Botanical Garden. – New York: [s. n.], 1988. – 555 p.
- Sinnot, Q. P. A reversion of *Ribes* L. Subg. *Grossularia* (Mill.) pers. sect. *Grossularia* (Mill.) Nutt. (Grossulariaceae) in North America / Q. P. Sinnot // Rhodora. – 1985. – Vol. 87. – P. 198–286.
- Brennan, R. M. Currants and Gooseberries / R. M. Brennan; in Hancock, J. F. (ed.) // Temperate Fruit Crop Breeding: Germplasm to Genomics. – [S. l.], 2008. – P. 177–196.
- Korbin, M. Fruit plant germplasm characterisation using molecular markers generated in RAPD and ISSR-PCR / M. Korbin, A. Kuras, E. Zurawicz // Mol. Biol. Lett. – 2002. – Vol. 7. – P. 785–794.
- Lanham, P. G. Genetic diversity within a secondary pool for *Ribes nigrum* L. revealed by RAPD and ISSR markers / P. G. Lanham, A. Korycinska, R. M. Brennan // J. Hort. Sci. Biotech. – 2000. – Vol. 75. – P. 371–375.
- Lanham, P. Fingerprinting of blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) cultivars using RAAPD analyses / P. Lanham, R. M. Brennan, R. J. McNicol // Theor. Appl. Genet. – 1995. – Vol. 90. – P. 166–172.

8. Brennan, R. M. Future perspectives in black currant breeding / R. M. Brennan, S. L. Gordon // *Acta Hort.* – 2002. – Vol. 585. – P. 39–45.
9. De Mattia, F. Chloroplast and nuclear DNA markers to characterize cultivated and spontaneous *Ribes* / F. De Mattia [et al.] // *Plant Biosyst.* – 2008. – Vol. 142, N 2. – P. 204–212.
10. Lanham, P. G. Genetic characterization of gooseberry (*Ribes* subgenus *Grossularia*) germplasm using RAPD, ISSR and AFLP markers / P. G. Lanham, R. M. Brennan // *J. Hort. Sci.* – 1999. – Vol. 74. – P. 361–366.
11. The development of a genetic linkage map of blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) and the identification of regions associated with key fruit quality and agronomic traits / R. M. Brennan [et al.] // *Euphytica.* – 2008. – Vol. 161. – P. 19–34.
12. Identification, utilisation and mapping of novel transcriptome-based markers from blackcurrant (*Ribes nigrum*) / J. R. Russell [et al.] // *BMC Plant Biol.* – 2011. – Vol. 10. – P. 147–157.
13. Development and characterisation of SSR markers in *Ribes* species / R.M. Brennan [et al.] // *Mol. Ecol. Notes.* – 2002. – Vol. 2. – P. 327–330.
14. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants / R. K. Kalia [et al.] // *Euphytica.* – 2011. – Vol. 177, N 3. – P. 309–314.
15. Establishment of molecular markers for germplasm management in a worldwide provenance *Ribes* spp. collection / L. Palmieri [et al.] // *POJ.* – 2013. – Vol. 6, N 3. – P. 165–174.
16. Development of the Northern European *Ribes* core collection based on a microsatellite (SSR) marker diversity analysis / K. Antonius [et al.] // *Plant Genet. Res.* – 2012. – Vol. 10, N 1. – P. 70–73.
17. Microsatellite-based evaluation of *Ribes* spp. germplasm / M. Cavanna [et al.] // *Genome.* – 2009. – Vol. 52. – P. 839–848.
18. Microsatellite loci polymorphism in Russian black currant (*Ribes nigrum* L.) varieties from collection of All-Russian Research Institute of Breeding Fruit Crops / A. V. Pikunova [et al.] // *Agricult. Biol.* – 2015. – Vol. 50, N 1. – P. 46–54.
19. Van de Peer, Y. TREECON: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees / Y. Van de Peer, R. de Wachter // *Comput. Appl. Biosci.* – 1993. – Vol. 9. – P. 177–182.
20. Nei, M. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases / M. Nei, W. H. Li // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 1979. – Vol. 76. – P. 5269–5273.
21. Kloosterman, A. D. PCR-amplification and detection of the human DIS 80 VNTR locus. Amplification condition, population genetics and application in forensic analysis / A. D. Kloosterman, B. Budowle, P. Daselaar // *Int. J. Leg. Med.* – 1993. – Vol. 105. – P. 257–264.
22. Sipahi, H. Genetic screening of Turkish barley genotypes using simple sequence repeat markers / H. Sipahi // *J. of Cell and Mol. Biol.* – 2011. – Vol. 9, N 2. – P. 19–26.
23. Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers / V. L. Clerc [et al.] // *Theor. Appl. Genet.* – 2005. – Vol. 110. – P. 294–302.
24. SSR allelic variation in almond (*Prunus dulcis* Mill.) / H. Xie [et al.] // *Theor. Appl. Genet.* – 2006. – Vol. 112. – P. 366–372.

References

1. Shultheis, L. M. and Donoghue, M. J. (2004), “Molecular phylogeny and biogeography of *Ribes* (Grossulariaceae), with an emphasis on gooseberries (subg. *Grossularia*)”, *Systematic Botany*, vol. 29, pp. 77–96.
2. Cronquist, A. (1988), “*The Evolution and Classification of Flowering Plants*”, New York, US.
3. Sinnott, Q. P. (1985), “A reversion of *Ribes* L. Subg. *Grossularia* (Mill.) pers. sect. *Grossularia* (Mill. Nutt. (Grossulariaceae) in North America”, *Rhodora*, vol. 87, pp. 198–286.
4. Brennan, R. M. (2008), “Currants and Gooseberries”, in Hancock, J. F. (ed.), *Temperate Fruit Crop Breeding: Germplasm to Genomics*, Springer, The Netherlands, NL, pp. 177–196.
5. Korbin, M., Kuras, A. and Zurawicz, E. (2002), “Fruit plant germplasm characterisation using molecular markers generated in RAPD and ISSR-PCR”, *Molecular Biology Letters*, vol. 7, pp. 785–794.
6. Lanham, P. G., Korycinska, A. and Brennan, R. M. (2000), “Genetic diversity within a secondary pool for *Ribes nigrum* L. revealed by RAPD and ISSR markers”, *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, vol. 75, pp. 371–375.
7. Lanham, P., Brennan, R. M. and McNicol, R. J. (1995). “Fingerprinting of blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) cultivars using RAPD analyses”, *Theoretical and Applied Genetics*, vol. 90, pp. 166–172.
8. Brennan, R. M. and Gordon, S. L. (2002), “Future perspectives in black currant breeding”, *Acta Horticulturae*, vol. 585, pp. 39–45.
9. De Mattia, F., Grassi, F., Imazio, S. and Labra, M. (2008), “Chloroplast and nuclear DNA markers to characterize cultivated and spontaneous *Ribes*”, *Plant Biosystems*, vol. 142, no. 2, pp. 204–212.
10. Lanham, P. G. and Brennan, R. M. (1999), “Genetic characterization of gooseberry (*Ribes* subgenus *Grossularia*) germplasm using RAPD, ISSR and AFLP markers”, *Journal of Horticultural Science*, vol. 74, pp. 361–366.
11. Brennan, R. M., Jorgensen, L., Hackett, C., Woodhead, M., Gordon, S. L. and Russel, J. (2008), “The development of a genetic linkage map of blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) and the identification of regions associated with key fruit quality and agronomic traits”, *Euphytica*, vol. 161, pp. 19–34.
12. Russell, J. R., Bayer, M., Booth, C., Cardle, L., Hackett, C. A., Hedley, P. E., Jorgensen, L., Morris, J. A. and Brennan, R. M. (2011), “Identification, utilisation and mapping of novel transcriptome-based markers from blackcurrant (*Ribes nigrum*)”, *BMC Plant Biology*, vol. 10, pp. 147–157.

13. Brennan, R. M., Jorgensen, L., Woodhead, M. and Russell, J. (2002), “Development and characterisation of SSR markers in *Ribes* species”, *Molecular Ecology Notes*, vol. 2, pp. 327–330.
14. Kalia, R. K., Rai, M. K., Kalia, S., Singh, R. and Ghawaa, A. K. (2011), “Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants”, *Euphytica*, vol. 177, no. 3, pp. 309–314.
15. Palmieri, L., Grando, M. S., Sordo, M., Grisenti, M., Martens, S. and Giongo, L. (2013), “Establishment of molecular markers for germplasm management in a worldwide provenance *Ribes* spp. collection”, *POJ*, vol. 6, no. 3, pp. 165–174.
16. Antonius, K., Karhu, S., Kaldmae, H., Lacis, G., Rugenius, R., Baniulis, D., Sasnauskas, A., Schulte, E., Kuras, A., Korbin, M., Gunnarsson, A., Werlemark, G., Ryliskis, D., Todam-Andersen, T., Kokk, L. and Jarve, K. (2012), “Development of the Northern European *Ribes* core collection based on a microsatellite (SSR) marker diversity analysis”, *Plant Genetic Resources*, vol. 10, no. 1, pp. 70–73.
17. Cavanna, M., Marioni, D. T., Beccaro, G. L. and Bounous, G. (2009), “Microsatellite-based evaluation of *Ribes* spp. germplasm”, *Genome*, vol. 52, pp. 839–848.
18. Pikunova, A. V., Knyazev, S. D., Bakhotskaya, A. Yu. and Kochumova, A. A. (2015), “Microsatellite loci polymorphism in Russian black currant (*Ribes nigrum* L.) varieties from collection of All-Russian Research Institute of Breeding Fruit Crops”, *Agricultural Biology*, vol. 50, no. 1, pp. 46–54.
19. Van de Peer, Y. and R. de Wachter (1993), “TREECON: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees”, *Computer Applications in the Biosciences*, vol. 9, pp. 177–182.
20. Nei, M., Li and W. H. (1979), “Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases”, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 76, pp. 5269–5273.
21. Kloosterman, A. D., Budowle, B. and Daselaar, P. (1993), “PCR-amplification and detection of the human DIS 80 VNTR locus. Amplification condition, population genetics and application in forensic analysis”, *International Journal of Legal Medicine*, vol. 105, pp. 257–264.
22. Sipahi, H. (2011), “Genetic screening of Turkish barley genotypes using simple sequence repeat markers”, *Journal of Cell and Molecular Biology*, vol. 9, no. 2, pp. 19–26.
23. Clerc, V. L., Bazante, F., Baril, C., Guiard, J. and Zhang, D. (2005), “Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers”, *Theoretical and Applied Genetics*, vol. 110, pp. 294–302.
24. Xie, H., Sui, Y., Chang, F.Q., Xu, Y. and Ma, R. C. (2006), “SSR allelic variation in almond (*Prunus dulcis* Mill.)”, *Theoretical and Applied Genetics*, vol. 112, pp. 366–372.

Информация об авторах

Межнина Ольга Анатольевна – мл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: olgamezhnina@gmail.com

Урбанович Оксана Юрьевна – д-р биол. наук, заведующий лабораторией. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: O.Urbanovich@igc.by

Для цитирования

Межнина, О. А. Генетическое разнообразие сортов смородины черной (*Ribes nigrum*) в Беларуси / О. А. Межнина, О. Ю. Урбанович // Вес. Нац. акад. наук Беларуси. Сер. биол. наук. – 2017. – № 1. – С. 62–69.

Information about the authors

Mezhnina Volha Anatol'evna – Junior researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: olgamezhnina@gmail.com

Urbanovich Aksana Yuryevna – D. Sc. (Biol.), Head of the laboratory. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: O.Urbanovich@igc.by

For citation

Mezhnina, O. A. and Urbanovich, O. Yu. (2017), “Genetic variability of blackcurrant varieties (*Ribes nigrum*) in Belarus”, *Proceedings of the National Academy of Science of Belarus, biological series*, no. 1, pp. 62–69.