

DOI 10.33952/2542-0720-2021-3-27-117-124

УДК 634.75:577.2:575.22

Лыжин А. С., Лукьянчук И. В.

**АНАЛИЗ ПЕРСПЕКТИВНЫХ ГИБРИДНЫХ ФОРМ ЗЕМЛЯНИКИ ПО
ГЕНАМ *FaOMT* И *FaFAD1* АРОМАТА ПЛОДОВ**

ФГБНУ «Федеральный научный центр имени И.В. Мичурина»

Реферат. Важной потребительской характеристикой плодов земляники является их аромат. К числу важнейших ароматообразующих соединений плодов земляники относятся γ -декалактон и мезифуран. Содержание γ -декалактона в плодах определяется экспрессией гена *FaFAD1*, мезифурана – гена *FaOMT*. Выявление генотипов, несущих целевые аллели генов ароматического комплекса, является важным этапом совершенствования сортимента земляники и создания сортов с ароматными плодами. Цель исследования – молекулярно-генетический анализ гибридных сеянцев земляники по генам *FaOMT* и *FaFAD1* для идентификации генотипов, перспективных для селекции на аромат плодов. В качестве биологических объектов использованы отборные и элитные гибриды земляники садовой (*Fragaria* × *ananassa Duch.*), полученные в ФГБНУ «ФНЦ им. И.В. Мичурина». Идентификацию аллелей гена *FaOMT* проводили с использованием кодоминантного маркера *FaOMT-SI/NO*. Наличие гена *FaFAD1* определяли с использованием маркера *FaFAD1*. С использованием маркера *FaOMT-SI/NO* функциональный аллель гена *FaOMT* (*FaOMT+*) выявлен у отборных гибридных сеянцев 298-19-9-43 (*FB₂ F. orientalis Los.*, *F. moschata Duch.*, *F. × ananassa Duch.*), 932-29 (*F. virginiana subsp. platypetala (Rydb.) Staudt* × Фейерверк), 928-12 (298-19-9-43 × Привлекательная), 69-29 (Фейерверк × Былинная), 72-25, 72-71 (Привлекательная × Былинная), 26-5 (Рубиновый кулон × 298-19-9-43). Ген *FaFAD1* идентифицирован у гибридов 72-25 (Привлекательная × Былинная), 56-8 (Гигантелла × Привлекательная) и 61-12 (Былинная × Олимпийская надежда). Отборный сеянец 72-25 (Привлекательная × Былинная) характеризуется сочетанием функциональных аллелей обоих генов (*FaOMT* + *FaFAD1*). Вовлечение в гибридизацию указанных форм позволит ускорить процесс создания новых сортов земляники с улучшенным ароматом плодов.

Ключевые слова: земляника садовая (*Fragaria* × *ananassa Duch.*), генотип, аромат плодов, γ -декалактон, мезифуран, молекулярные маркеры.

Для цитирования: Лыжин А. С., Лукьянчук И. В. Анализ перспективных гибридных форм земляники по генам *FaOMT* и *FaFAD1* аромата плодов // Таврический вестник аграрной науки. 2021. № 3(27). С. 117–124. DOI: 10.33952/2542-0720-2021-3-27-117-124.

For citation: Lyzhin A. S., Luk'yanchuk I. V. Analysis of promising strawberry hybrid forms by *FaOMT* and *FaFAD1* fruit aroma genes // Taurida Herald of the Agrarian Sciences. 2021. No. 3(27). P. 117–124. DOI: 10.33952/2542-0720-2021-3-27-117-124.

Введение

Земляника относится к числу наиболее широко возделываемых ягодных культур. Промышленные насаждения земляники садовой расположены в 78 странах мира и валовый сбор плодов земляники превышает $\frac{2}{3}$ мирового объёма производства ягод [1–3]. Однако в современных условиях повсеместной дестабилизации климата, массового развития болезней различной этиологии, а также повышенного внимания к качеству получаемой ягодной продукции, многие существующие сорта в недостаточной степени отвечают требованиям рынка, поэтому необходимо проведение направленной селекционной работы с целью

конструирования генотипов земляники, характеризующихся комплексом таких признаков, как высокая ежегодная урожайность, ценные товарно-потребительские качества плодов, устойчивость к комплексу неблагоприятных факторов среды [4, 5].

Важной потребительской характеристикой плодов земляники является их аромат, который обусловлен содержанием большого количества летучих ароматообразующих органических веществ [6, 7]. Необходимо отметить, что многие широко возделываемые сорта земляники обладают невыраженным, слабым ароматом вследствие элиминации данного признака (до недавнего времени считавшегося несущественным) в процессе генетико-селекционного совершенствования сортимента [8–10].

Наиболее значительный вклад в формирование ароматического профиля плодов земляники вносят около 20 соединений, к числу которых относятся γ -декалактон, придающий плодам персиково-подобный, сладкий аромат, и мезифуран, обладающий фруктово-карамельным ароматом [11, 12].

Уровень накопления в плодах земляники γ -декалактона детерминирован экспрессией гена *FaFAD1* [11], мезифурана – гена *FaOMT* [13], благодаря чему возможна идентификация ценных генотипов с использованием диагностических ДНК-маркеров, сцепленных с целевыми аллелями [14].

Для гена *FaOMT* характерны два аллельных варианта: активный (функциональный) аллель, детерминирующий высокий уровень накопления мезифурана в плодах и неактивный (нефункциональный) аллель, определяющий сниженный уровень биосинтеза мезифурана. У некоторых форм земляники могут также присутствовать дополнительные аллели, фенотипически не связанные с наличием или отсутствием мезифурана в плодах [15].

Для гена *FaFAD1* идентифицирован функциональный аллель, экспрессия которого обуславливает высокий уровень накопления γ -декалактона в плодах. Отсутствие γ -декалактона в плодах земляники детерминировано либо блокировкой транскрипции матричной РНК гена *FaFAD1*, либо полной делецией активного аллеля [11].

Цель исследований – молекулярно-генетический анализ гибридных семян земляники по генам *FaOMT* и *FaFAD1* для идентификации генотипов, перспективных для селекции на аромат плодов.

Материалы и методы исследований

Исследования проведены в 2020–2021 гг. В качестве биологических объектов использованы перспективные отборные и элитные гибриды земляники садовой (*Fragaria* × *ananassa* Duch.), полученные в ФГБНУ «ФНЦ им. И.В. Мичурина».

Экстракцию тотальной ДНК земляники осуществляли согласно модифицированному протоколу Diversity Arrays Technology P/L [16, 17].

Для идентификации аллелей генов *FaOMT* и *FaFAD1* использовали кодоминантный маркер *FaOMT-SI/NO* и доминантный маркер *FaFAD1* (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика использованных в работе праймеров

| Маркер | Нуклеотидная последовательность праймеров 5'-3' | Размер ампликонов, пар нуклеотидов | Источник |
|-------------|---|------------------------------------|--------------------------------------|
| FaOMT-SI/NO | For CGATCATTTTCGAAAAGGACTA | 214, 248 | Zorrilla-Fontanesi et al., 2012 [13] |
| | Rev AAGCAGGGTTAGTTGTGGAGA | | |
| FaFAD1 | For CGGGATTAATGGTTTTGTTGTTGACCGACC | 500 | Chambers et al., 2014 [11] |
| | Rev GTAGAAGAGAGACCAAGACGAG | | |

Смесь для ПЦР общим объёмом 15 мкл содержала 1,5 мМ Таq-буфера, 2,0 мМ смеси дезоксинуклеозидтрифосфатов, 2,5 мМ хлорида магния, 0,2 U Таq-полимеразы, 0,2 мкМ каждого праймера и 20 нг геномной ДНК. Все компоненты произведены фирмой Thermo Fisher Scientific (США).

Полимеразную цепную реакцию проводили в термоциклере T100 (BIO-RAD) по программам:

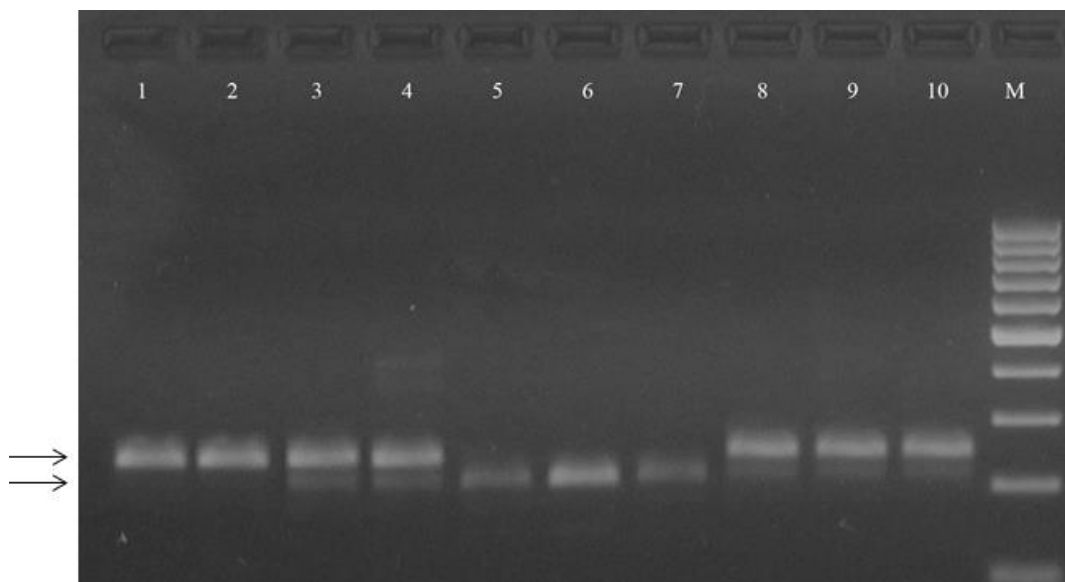
маркер FaFAD1: начальная денатурация: 4 мин при 94 °С, далее 25 циклов: 30 с при 94 °С, 30 с при 56 °С, 30 с при 72 °С; далее финальная элонгация: 10 мин при 72 °С.

маркер FaOMT-SI/NO: начальная денатурация 3 мин при 95 °С, далее 10 циклов: 30 с при 95 °С, 30 с при 60 °С (-0,5 °С/цикл), 45 с при 72 °С; далее 25 циклов: 30 с при 95 °С, 30 с при 55 °С, 45 с при 72 °С; далее финальная элонгация 5 мин при 72 °С [18].

Разделение продуктов амплификации проводили методом электрофореза в агарозном геле (концентрация агарозы – 2%, буферная система – 1x TBE). Определение размера ампликонов проводили с использованием DNA Ladder Gene Ruler 100 bp (Thermo Fisher Scientific).

Результаты и их обсуждение

С использованием маркера FaOMT-SI/NO функциональный аллель гена *FaOMT*, детерминирующий высокое содержание мезифурана в плодах (*FaOMT+*), выявлен у отборных гибридных форм межвидового (298-19-9-43 (FB₂ *F. orientalis* Los., *F. moschata* Duch., *F.* × *ananassa* Duch.), 26-5 (Рубиновый кулон × 298-19-9-43), 932-29 (*F. virginiana* subsp. *platypetala* (Rydb.) Staudt × Фейерверк), 928-12 (298-19-9-43 × Привлекательная)) и межсортового (69-29 (Фейерверк × Былинная), 72-25, 72-71 (Привлекательная × Былинная)) происхождения (рисунок 1а, таблица 2).



А

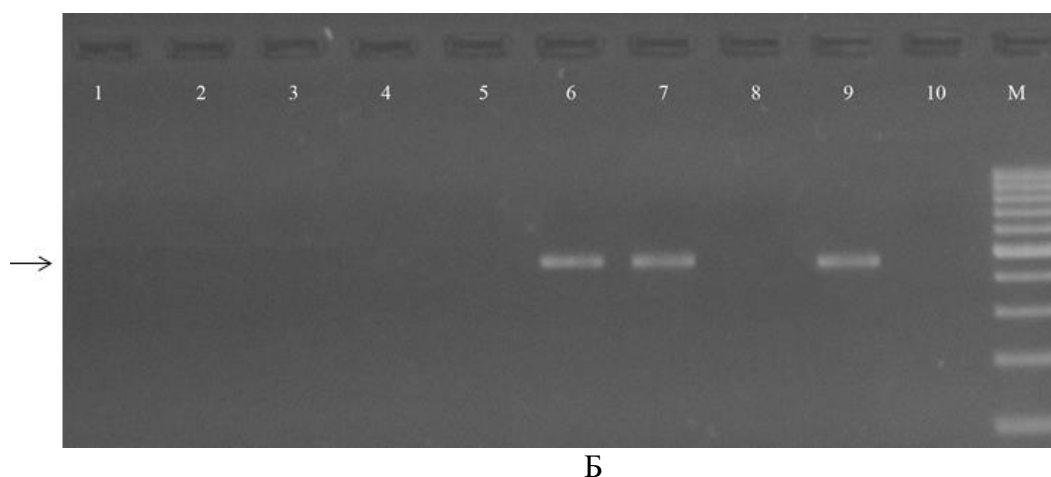


Рисунок 1 – Электрофоретические профили маркерных фрагментов генов *FaOMT* (А) и *FaFAD1* (Б) у гибридных форм земляники

Примечание. 1 – 298-19-9-43; 2 – 932-29; 3 – 26-5; 4 – 928-12; 5 – 65-26; 6 – 56-8; 7 – 61-12; 8 – 69-29; 9 – 72-25; 10 – 72-71; М – маркер молекулярного веса.

Таблица 2 – Аллельное разнообразие генов *FaOMT* и *FaFAD1* ароматического комплекса плодов у отборных семян земляники

| Генотип | <i>FaOMT</i> | | <i>FaFAD1</i> |
|---|--------------|----------|---------------|
| | 217 п.н. | 248 п.н. | 500 п.н. |
| 298-19-9-43 (FB_2 <i>F. orientalis</i> Los., <i>F. moschata</i> Duch., <i>F. × ananassa</i> Duch.) | | + | |
| 932-29 (<i>F. virginiana</i> subsp. <i>platyptala</i> (Rydb.) Staudt × Фейерверк) | | + | |
| 26-5 (Рубиновый кулон × 298-19-9-43) | + | + | |
| 928-12 (298-19-9-43 × Привлекательная) | + | + | |
| 69-29 (Фейерверк × Былинная) | + | + | |
| 72-25 (Привлекательная × Былинная) | + | + | + |
| 72-71 (Привлекательная × Былинная) | + | + | |
| 56-8 (Гигантелла × Привлекательная) | + | | + |
| 65-26 (Олимпийская надежда × Былинная) | + | | |
| 61-12 (Былинная × Олимпийская надежда) | + | | + |

При этом у отборных форм 298-19-9-43 (FB_2 *F. orientalis* Los., *F. moschata* Duch., *F. × ananassa* Duch.) и 932-29 (*F. virginiana* subsp. *platyptala* (Rydb.) Staudt × Фейерверк) аллель *FaOMT*⁺ находится в гомозиготном (*FaOMT*⁺*FaOMT*⁺) состоянии, а у форм 26-5 (Рубиновый кулон × 298-19-9-43), 69-29 (Фейерверк × Былинная), 928-12 (298-19-9-43 × Привлекательная), 72-25, 72-71 (Привлекательная × Былинная) – в гетерозиготном (*FaOMT*⁺*FaOMT*⁻) состоянии.

Полученные результаты подтверждаются анализом родословных анализируемых генотипов. Так, отборная форма 932-29 (гомозиготный генотип по аллелю *FaOMT*⁺) выделена в комбинации, где обе родительские формы (сорт земляники садовой Фейерверк и дикорастущий подвид земляники виргинской – *F. virginiana* subsp. *platyptala* (Rydb.) Staudt) являются носителями функционального аллеля гена *FaOMT* [18, 19], поэтому в гибридном потомстве возможна идентификация гомозиготных (*FaOMT*⁺*FaOMT*⁺) генотипов. Гибриды, полученные с участием сорта Былинная (69-29, 72-25, 72-71, 65-26, 61-12), характеризуются либо гетерозиготным состоянием функционального аллеля, либо гомозиготным состоянием нефункционального аллеля, что объясняется

гомозиготным состоянием нефункционального аллеля у сорта Былинная (генотип *FaOMT-FaOMT*-) [18]. Поэтому гибридные комбинации с участием сорта Былинная имеют вид анализирующего скрещивания (*FaOMT*+(-) × *FaOMT-FaOMT*-) и получение форм с гомозиготным генотипом по активному аллелю невозможно.

Ген *FaFAD1* среди проанализированных отборных форм земляники выявлен у гибридов межсортового происхождения 72-25 (Привлекательная × Былинная), 56-8 (Гигантелла × Привлекательная) и 61-12 (Былинная × Олимпийская надежда) (рисунок 1b, таблица 2). В отмеченных комбинациях скрещивания сорта Былинная и Гигантелла характеризуются наличием целевого аллеля *FaFAD1*, тогда как у сортов Олимпийская надежда и Привлекательная анализируемый локус отсутствует [18]. Поэтому комбинации скрещивания Привлекательная × Былинная, Гигантелла × Привлекательная, Былинная × Олимпийская надежда соответствуют анализирующему типу скрещивания и, следовательно, гибридные сеянцы 72-25, 56-8 и 61-12 характеризуются гетерозиготным состоянием гена *FaFAD1*. Необходимо также отметить, что трёхвидовой сеянец 298-19-9-43 характеризуется отсутствием гена *FaFAD1*, хотя и был получен с участием дикорастущих видов – носителей функционального аллеля *FaFAD1*.

Так как гены *FaOMT* и *FaFAD1* локализованы на различных хромосомах (*FaOMT* – на VII-F.1, *FaFAD1* – на III-2) [13, 20], то в гибридном потомстве земляники целевые аллели наследуются независимо и возможна их комбинация в одном генотипе. Среди изучаемых гибридных сеянцев комбинация целевых аллелей генов *FaOMT* и *FaFAD1* выявлена у гибрида 72-25 (Привлекательная × Былинная). Отборные формы 298-19-9-43, 26-5, 928-12, 932-29, 69-29, 72-71, 56-8 и 61-12 характеризуются наличием в генотипе одного из генов. Гибридный сеянец 65-26 (Олимпийская надежда × Былинная) активных аллелей генов *FaOMT* и *FaFAD1* не имеет (рецессивный гомозиготный генотип по обоим генам).

Выводы

Таким образом, в результате молекулярно-генетического анализа гибридных сеянцев земляники по генам ароматического комплекса плодов идентифицированы перспективные генотипы – носители целевых аллелей генов: 298-19-9-43, 932-29, 928-12, 26-5, 69-29, 72-25, 72-71 (ген *FaOMT*); 72-25, 56-8, 61-12 (ген *FaFAD1*). Отборный сеянец 72-25 (Привлекательная × Былинная) характеризуется сочетанием функциональных аллелей обоих генов. Вовлечение в гибридизацию указанных форм позволит ускорить процесс создания новых сортов земляники с улучшенным ароматом плодов.

Литература

1. Hummer K., Hancock J. F. Strawberry genomics: botanical history, cultivation, traditional breeding, and new technologies // Genetics and Genomics of Rosaceae. 2009. Vol. 7. P. 413–436. DOI: 10.1007/978-0-387-77491-6_20.
2. Giampieri F., Tulipani S., Alvarez-Suarez J. M., Quiles J. L., Mezzetti B., Battino M. The strawberry: composition, nutritional quality, and impact on human health // Nutrition. 2012. No. 28(1). P. 9–19. DOI: 10.1016/j.nut.2011.08.009.
3. FAOSTAT. [Электронный ресурс] Режим доступа: <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E> (дата обращения 06.02.2021).
4. Mezzetti B., Giampieri F., Zhang Y. T., Zhong C. F. Status of strawberry breeding programs and cultivation systems in Europe and the rest of the world // Journal of Berry Research. 2018. No. 8(3). P. 205–221. DOI: 10.3233/JBR-180314.
5. Марченко Л. А. Земляника садовая: оценка отечественного сортимента и направления селекции // Аграрный вестник Урала. 2020. № 12(203). С. 50–60. DOI: 10.32417/1997-4868-2020-203-12-50-60.
6. Raab T. L., López-Ráez J. A., Klein D., Caballero J. L., Moyano E., Schwab W., Muñoz-Blanco J. FaQR, required for the biosynthesis of the strawberry flavor compound 4-hydroxy-2,5-dimethyl-

3(2H)-furanone, encodes an enone oxidoreductase // *Plant Cell*. 2006. Vol. 18. P. 1023–1037. DOI: 10.1105/tpc.105.039784.

7. Ulrich D., Komes D., Olbricht K., Hoberg E. Diversity of aroma patterns in wild and cultivated *Fragaria* accessions // *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2007. No. 54(6). P. 1185. DOI: 10.1007/s10722-006-9009-4.

8. Negri A. S., Allegra D., Simoni L., Rusconi F., Tonelli C., Espen L., Galbiati M. Comparative analysis of fruit aroma patterns in the domesticated wild strawberries “Profumata di Tortona” (*F. moschata*) and “Regina delle Valli” (*F. vesca*) // *Frontiers in Plant Science*. 2015. Vol. 6. P. 56. DOI: 10.3389/fpls.2015.00056.

9. Ulrich D., Olbricht K. A search for the ideal flavor of strawberry – comparison of consumer acceptance and metabolite patterns in *Fragaria* × *ananassa* Duch. // *Journal of Applied Botany and Food Quality*. 2016. Vol. 89. P. 223–234. DOI: 10.5073/JABFQ.2016.089.029.

10. Зубкова М. И., Макаркина М. А., Князев С. Д. Оценка сортов земляники по биохимическим и органолептическим качествам ягод в условиях Орловской области // *Вестник аграрной науки*. 2020. № 4(85). С. 9–15. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2020.4.9.

11. Chambers A. H., Pillet J., Plotto A., Bai J., Whitaker V. M., Folta K. M. Identification of a strawberry flavor gene candidate using an integrated genetic-genomic-analytical chemistry approach // *BMC genomics*. 2014. No. 15(1). P. 217. DOI: 10.1186/1471-2164-15-217.

12. Urrutia M., Rambla J. L., Alexiou K. G., Granell A., Monfort A. Genetic analysis of the wild strawberry (*Fragaria vesca*) volatile composition // *Plant Physiol. Bioch.* 2017. Vol. 121. P. 99–117. DOI: 10.1016/j.plaphy.2017.10.015.

13. Zorrilla-Fontanesi Y., Rambla J. L., Cabeza A., Medina J. J., Sánchez-Sevilla J. F., Valpuesta V., Botella M. A., Granell A., Amaya I. Genetic analysis of strawberry fruit aroma and identification of O-methyltransferase *FaOMT* as the locus controlling natural variation in mesifurane content // *Plant Physiology*. 2012. No. 159(2). P. 851–870. DOI: 10.1104/pp.111.188318.

14. Noh Y. H., Lee S., Whitaker V. M., Cearley K. R., Cha J. S. A high-throughput marker-assisted selection system combining rapid DNA extraction high-resolution melting and simple sequence repeat analysis: strawberry as a model for fruit crops // *Journal of Berry Research*. 2017. No. 7(1). P. 23–31. DOI: 10.3233/JBR-160145.

15. Cruz-Rus E., Sesmero R., Ángel-Pérez J. A., Sánchez-Sevilla J. F., Ulrich D., Amaya I. Validation of a PCR test to predict the presence of flavor volatiles mesifurane and γ -decalactone in fruits of cultivated strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) // *Molecular Breeding*. 2017. No. 37(10). P. 131. DOI: 10.1007/s11032-017-0732-7.

16. DArT. [Электронный ресурс] Режим доступа: http://www.diversityarrays.com/sites/default/files/resources/DArT_DNA_isolation.pdf (дата обращения 18.11.2019).

17. Лукьянчук И. В., Лыжин А. С., Козлова И. И. Анализ генетической коллекции земляники (*Fragaria L.*) по генам *Rca2* и *Rpfl* с использованием молекулярных маркеров // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2018. Т. 22. № 7. С. 795–799. DOI: 10.18699/VJ18.423.

18. Лыжин А. С., Лукьянчук И. В., Жбанова Е. В. Полиморфизм сортов и дикорастущих видов земляники генетической коллекции Федерального научного центра им. И.В. Мичурина по генам аромата плодов *FaOMT* и *FaFAD1* // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2020. Т. 24. № 1. С. 5–11. DOI: 10.18699/VJ20.588.

19. Luk'yanchuk I. Molecular genetic analysis of strawberry genotypes for the *FaOMT* fruit aroma gene // *BIO Web of Conferences*. 2020. Vol. 25. P. 03003. DOI: 10.1051/bioconf/20202503003.

20. Sánchez-Sevilla J. F., Cruz-Rus E., Valpuesta V., Botella M. A., Amaya I. Deciphering gamma-decalactone biosynthesis in strawberry fruit using a combination of genetic mapping, RNA-Seq and eQTL analyses // *BMC Genomics*. 2014. No. 15(1). P. 218. DOI: 10.1186/1471-2164-15-218.

References

1. Hummer K., Hancock J. F. Strawberry genomics: botanical history, cultivation, traditional breeding, and new technologies // *Genetics and Genomics of Rosaceae*. 2009. Vol. 7. P. 413–436. DOI: 10.1007/978-0-387-77491-6_20.

2. Giampieri F., Tulipani S., Alvarez-Suarez J. M., Quiles J. L., Mezzetti B., Battino M. The strawberry: Composition, nutritional quality, and impact on human health // *Nutrition*. 2012. No. 28(1). P. 9–19. DOI: 10.1016/j.nut.2011.08.009.

3. FAOSTAT. [Electronic resource] Access point: <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E> (references date 06.02.2021).

4. Mezzetti B., Giampieri F., Zhang Y. T., Zhong C. F. Status of strawberry breeding programs and cultivation systems in Europe and the rest of the world // *Journal of Berry Research*. 2018. No. 8(3). P. 205–221. DOI: 10.3233/JBR-180314.

5. Marchenko L. A. Strawberry: evolution of the domestic assortment and direction of selection // Agrarian bulletin of the Urals. 2020. No. 12(203). P. 50–60. DOI: 10.32417/1997-4868-2020-203-12-50-60.
6. Raab T. L., López-Ráez J. A., Klein D., Caballero J. L., Moyano E., Schwab W., Muñoz-Blanco J. FaQR, required for the biosynthesis of the strawberry flavor compound 4-hydroxy-2,5-dimethyl-3(2H)-furanone, encodes an enone oxidoreductase // Plant Cell. 2006. Vol. 18. P. 1023–1037. DOI: 10.1105/tpc.105.039784.
7. Ulrich D., Komes D., Olbricht K., Hoberg E. Diversity of aroma patterns in wild and cultivated *Fragaria* accessions // Genetic Resources and Crop Evolution. 2007. No. 54(6). P. 1185. DOI: 10.1007/s10722-006-9009-4.
8. Negri A. S., Allegra D., Simoni L., Rusconi F., Tonelli C., Espen L., Galbiati M. Comparative analysis of fruit aroma patterns in the domesticated wild strawberries “Profumata di Tortona” (*F. moschata*) and “Regina delle Valli” (*F. vesca*) // Frontiers in Plant Science. 2015. Vol. 6. P. 56. DOI: 10.3389/fpls.2015.00056.
9. Ulrich D., Olbricht K. A search for the ideal flavor of strawberry – comparison of consumer acceptance and metabolite patterns in *Fragaria* × *ananassa* Duch. // Journal of Applied Botany and Food Quality. 2016. Vol. 89. P. 223–234. DOI: 10.5073/JABFQ.2016.089.029.
10. Zubkova M.I., Makarkina M.A., Knyazev S.D. Strawberry assessment for biochemical and organoleptic features of berries in the Orel region // Bulletin of Agrarian Science. 2020. No. 4(85). P. 9–15. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2020.4.9.
11. Chambers A. H., Pillet J., Plotto A., Bai J., Whitaker V. M., Folta K. M. Identification of a strawberry flavor gene candidate using an integrated genetic-genomic-analytical chemistry approach // BMC genomics. 2014. No. 15(1). P. 217. DOI: 10.1186/1471-2164-15-217.
12. Urrutia M., Rambla J. L., Alexiou K. G., Granell A., Monfort A. Genetic analysis of the wild strawberry (*Fragaria vesca*) volatile composition // Plant Physiol. Bioch. 2017. Vol. 121. P. 99–117. DOI: 10.1016/j.plaphy.2017.10.015.
13. Zorrilla-Fontanesi Y., Rambla J. L., Cabeza A., Medina J. J., Sánchez-Sevilla J. F., Valpuesta V., Botella M. A., Granell A., Amaya I. Genetic analysis of strawberry fruit aroma and identification of O-methyltransferase *FaOMT* as the locus controlling natural variation in mesifurane content // Plant Physiology. 2012. No. 159(2). P. 851–870. DOI: 10.1104/pp.111.188318.
14. Noh Y. H., Lee S., Whitaker V. M., Cearley K. R., Cha J. S. A high-throughput marker-assisted selection system combining rapid DNA extraction high-resolution melting and simple sequence repeat analysis: strawberry as a model for fruit crops // Journal of Berry Research. 2017. No. 7(1). P. 23–31. DOI: 10.3233/JBR-160145.
15. Cruz-Rus E., Sesmero R., Ángel-Pérez J. A., Sánchez-Sevilla J. F., Ulrich D., Amaya I. Validation of a PCR test to predict the presence of flavor volatiles mesifurane and γ -decalactone in fruits of cultivated strawberry (*Fragaria* × *ananassa*) // Molecular Breeding. 2017. No. 37(10). P. 131. DOI: 10.1007/s11032-017-0732-7.
16. DArT. [Electronic resource] Access point: http://www.diversityarrays.com/sites/default/files/resources/DArT_DNA_isolation.pdf. (references date 18.11.2019).
17. Luk'yanchuk I. V., Lyzhin A. S., Kozlova I. I. Analysis of strawberry genetic collection (*Fragaria* L.) for *Rca2* and *Rpfl* genes with molecular markers // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2018. Vol. 22. No. 7. P. 795–799. DOI: 10.18699/VJ18.423.
18. Lyzhin A. S., Luk'yanchuk I. V., Zhanova E. V. Polymorphism of the *FaOMT* and *FaFAD1* genes for fruit flavor volatiles in strawberry varieties and wild species from the genetic collection of the Michurin Federal Research Center // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2020. Vol. 24. No. 1. P. 5–11. DOI: 10.18699/VJ20.588.
19. Luk'yanchuk I. Molecular genetic analysis of strawberry genotypes for the *FaOMT* fruit aroma gene // BIO Web of Conferences. 2020. Vol. 25. P. 03003. DOI: 10.1051/bioconf/20202503003.
20. Sánchez-Sevilla J. F., Cruz-Rus E., Valpuesta V., Botella M. A., Amaya I. Deciphering gamma-decalactone biosynthesis in strawberry fruit using a combination of genetic mapping, RNA-Seq and eQTL analyses // BMC Genomics. 2014. No. 15(1). P. 218. DOI: 10.1186/1471-2164-15-218.

UDC 634.75:577.2:575.22

Lyzhin A. S., Luk'yanchuk I. V.

ANALYSIS OF PROMISING STRAWBERRY HYBRID FORMS BY *FAOMT* AND *FAFAD1* FRUIT AROMA GENES

Summary. An important consumer trait of strawberry fruits is their aroma. Among the most important strawberry fruit aroma compounds are γ -decalactone and mesifurane.

*The content of γ -decalactone in fruits is controlled by the expression of the FaFAD1 gene. The content of mesifurane in fruits is controlled by the FaOMT gene. Identification of genotypes carrying the target alleles of the aromatic complex genes is an important stage in improving the strawberry assortment and creating strawberry varieties with aromatic fruits. The purpose of the study is molecular genetic analysis of strawberry hybrid seedlings by the FaOMT and FaFAD1 genes to identify genotypes promising in breeding for fruit aroma. Promising selected and elite forms of strawberry (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) created at the FSSI “I.V. Michurin FSC” were used as biological objects. To identify the allelic state FaOMT gene, the codominant molecular marker FaOMT-SI/NO was used. To identify FaFAD1 gene, the molecular marker FaFAD1 was used. Using the FaOMT-SI/NO marker, the functional allele of the FaOMT gene (FaOMT+) was identified in the following strawberry selected forms: 298-19-9-43 (FB₂ *F. orientalis* Los., *F. moschata* Duch., *F.* × *ananassa* Duch.), 932-29 (*F. virginiana* subsp. *platypetala* (Rydb.) Staudt × ‘Feyerverk’), 928-12 (298-19-9-43 × ‘Privlekatelnaya’), 69-29 (‘Feyerverk’ × ‘Bylinnaya’), 72-25, 72-71 (‘Privlekatelnaya’ × ‘Bylinnaya’) and 26-5 (‘Rubinovyy kulon’ × 298-19-9-43). The FaFAD1 gene was identified in strawberry hybrids 72-25 (‘Privlekatelnaya’ × ‘Bylinnaya’), 56-8 (‘Gigantella’ × ‘Privlekatelnaya’) and 61-12 (‘Bylinnaya’ × ‘Olimpiyskaya nadezhda’). The strawberry selected form 72-25 (‘Privlekatelnaya’ × ‘Bylinnaya’) is characterized by a combination of functional alleles of both genes (FaOMT + FaFAD1). Involvement of these forms in hybridization will make it possible to intensify the process of creating new strawberry varieties with improved fruit aroma.*

Keywords: *strawberry (*Fragaria* × *ananassa* Duch.), genotype, fruit aroma, γ -decalactone, mesifurane, molecular markers.*

Лыжин Александр Сергеевич, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории физиологии устойчивости и геномных технологий, ФГБНУ «ФНЦ им. И.В. Мичурина»; 393760 г. Мичуринск, Тамбовская обл., ул. Мичурина, 30; e-mail: Ranenburzhetc@yandex.ru.

Лукьянчук Ирина Васильевна, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории частной генетики и селекции, ФГБНУ «ФНЦ им. И.В. Мичурина»; 393760 г. Мичуринск, Тамбовская обл., ул. Мичурина, 30; e-mail: irina.lk2011@yandex.ru.

Lyzhin Aleksandr Sergeevich, Cand. Sc. (Agr.), leading researcher of Laboratory of physiology of resistance and genomic technologies, FSSI “I.V. Michurin Federal Scientific Center”; 30, Michurina str., Michurinsk, Tambov Region, 393774, Russia; e-mail: Ranenburzhetc@yandex.ru.

Luk'yanchuk Irina Vasilievna, Cand. Sc. (Agr.), senior researcher of Laboratory of private genetics and breeding, FSSI “I.V. Michurin Federal Scientific Center”; 30, Michurina str., Michurinsk, Tambov Region, 393774, Russia; e-mail: irina.lk2011@yandex.ru.

Дата поступления в редакцию – 27.04.2021.

Дата принятия к печати – 05.06.2021.