УДК 577.2 DOI: 10.31360/2225-3068-2024-89-166-177
EDN WJJVYU

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТИП-ФЕНОТИП КОРРЕЛЯЦИЙ В КОЛЛЕКЦИЯХ *CAMELLIA SINENSIS* (L.) KUNTZE И *CITRUS* (L.) НА ЗАПАДНОМ КАВКАЗЕ НА ОСНОВЕ МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ И МУЛЬТИЛОКУСНЫХ ДНК-МАРКЕРОВ

Шхалахова Р.М., Конинская Н.Г., Кулян Р.В.

Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», г. Сочи, Россия, e-mail: shhalahova1995@mail.ru

Шхалахова Р.М. orcid.org/0000-0001-5262-7866
Конинская Н.Г. orcid.org/0000-0002-2126-5863
Кулян Р.В. orcid.org/0000-0002-8406-8197

Цитрусовые и чай являются одними из важных культур с точки зрения мирового производства. Коллекции ФИЦ СНЦ РАН произрастают в пограничном климатическом для данных культур регионе, обладают более высоким потенциалом генетической вариабельности и представляют собой ценный селекционный материал. На сегодняшний день, современные молекулярные методы исследований позволяют значительно ускорить селекционные процессы, путём маркерной селекции, необходимым этапом которой является установление генотип-фенотип связей. В данном исследовании проводился PCA-анализ для установления таких связей на основе мультилокусных ДНК

SCoT-маркеров (12 – для коллекции цитрусовых и 6 – для коллекции чая) и ценных для селекции морфологических признаков местных коллекций цитрусовых и чая. В результате исследования, главные компоненты F1 и F2 на графике биплота показали совокупную вариативность 34,91 % для цитрусовых и 27,95 % для чая. Были установлены корреляционные связи между SCoT-маркерами (SCoT6_1500, SCoT12_850, SCoT14_800), сортами лимонов и лайма и признаком высоты дерева; маркерами (SCoT9_1200, SCoT12_500, SCoT12_1200, SCoT12_2000, SCoT21_600, SCoT21_900), генотипами мандаринов и апельсинов и морфологическими признаками (цвет мякоти, вкус мякоти, консистенция мякоти). Кроме этого, установлены взаимосвязи маркер-признак по SCoT21_1150, SCoT21_2100, SCoT31_1300, SCoT6_2500, SCoT36_1300 и консистенции кожуры, количеству эмбрионов в семени, количеству семян. Установлены корреляции между SCoT-маркерами (SCoT06_A8, SCoT07_A1, SCoT07_A5, SCoT12_A1, SCoT33_A5, SCoT33_A9, SCoT33_A10) и морфологическими признаками чая (поверхность листа, форма листа, соотношение длины и ширины листа) в коллекциях чая. Полученные результаты будут важны для последующей ускоренной признак-ориентированной селекции данных коллекций.

Ключевые слова: *Camellia sinensis* (L.) Kuntze, *Citrus* (L.), SCoT-маркеры, генотип-фенотип, маркер-признак, корреляции, морфологические признаки.

Введение. Западный Кавказ – один из самых северных регионов в мире, в котором возможно промышленное выращивание ряда ценных сельскохозяйственных культур. Так, коммерчески важные сорта рода *Citrus* L. являются наиболее производимыми фруктами в мире: в 2018 году было произведено более 153 миллионов тонн [8]. Зародышевая плазма цитрусовых была завезена сюда в 1902 году из Средиземноморья, США, Турции, Ирана и Японии. В результате традиционной селекции за последние 80 лет были выведены десятки адаптированных к местным условиям сортов лимона, мандарина, помело и т. д. В настоящее время эта коллекция цитрусовых насчитывает более 200 образцов, хранящихся в ФИЦ СНЦ РАН, фенотипически охарактеризованных на протяжении десятилетий [22]. Вместе с этим, существует проблема апомиксиса, которая часто встречается у цитрусовых культур, что усложняет процесс выведения новых сортов [13].

Чайное растение (*Camellia sinensis* (L.) Kuntze) – ещё одна из важнейших многолетних культур, посевные площади и мировое производство которой за последние 5 лет увеличились вдвое [15]. Для увеличения генетического разнообразия местной гермоплазмы чая на Кавказе и создания новых элитных сортов с ценными сельскохозяйственными признаками ранее уже были проведены селекционные мероприятия,

такие как химический мутагенез и γ-облучение, клоновая селекция и направленное скрещивание. В результате был выведен ряд элитных генотипов с широким диапазоном фенотипической изменчивости. В частности, мутантные сорта чайного растения могут быть очень полезны для производителей, поскольку они часто являются полиплоидными, что приводит к превосходству в вегетативном росте, более высокой урожайности и повышенной устойчивости по сравнению с диплоидами.

Таким образом, коллекции геноресурсов за пределами основных регионов выращивания являются важным источником генетического разнообразия для усовершенствования сельскохозяйственных культур. Пограничные регионы произрастания являются ценным источником появления отличительных признаков и вариабельности, расширяющим генетический потенциал культур, при этом повышая их адаптивность к изменяющимся условиям среды. Так, коллекции чая и цитрусовых ФИЦ СНЦ РАН, произрастающие в экстремальном для них климатическом регионе, обладают более широким спектром устойчивости к различным агроклиматическим условиям и поэтому являются ценным ресурсом для целенаправленной селекции. Однако для этого необходима комплексная характеристика генетических и фенотипических признаков коллекций, которые доместицировались в атипичных регионах произрастания.

Для решения таких задач по усовершенствованию культур маркер-опосредованный отбор является неотъемлемым инструментом селекционного процесса. Создание и улучшение качественных сортов различных культур основано на отборе наиболее подходящих генотипов с точки зрения повышенной урожайности, улучшенного качества и способности к различным абиотическим и биотическим стрессам [7]. Установление связи между генетическим и фенотипическим матриксами является необходимым условием ускорения маркерной селекции (marker-assisted selection (MAS)) растений [24]. Таким образом, идентификация генетических маркеров, ассоциированных с ценными признаками местных генотипов цитрусовых и чая, может использоваться для эффективного скрещивания, а потомство, имеющее наиболее подходящую комбинацию аллелей, можно идентифицировать с помощью этих же установленных маркеров [11].

Для молекулярно-генетических исследований растений было разработан и использован ряд систем ДНК-маркеров, таких как RAPD [17], SSRs [16], SRAP [12], IRAP [10], SCoT [2, 10, 13], ISSR [20] или оргДНК [9]. Среди них, start codon targeted (SCoT) являются эффективными, воспроизводимыми и высокополиморфными мультилокусными

маркерами для анализа генетического разнообразия [18, 19]. Маркеры SCoT основаны на полиморфизме короткой консервативной области генов растений, окружающей кодон инициации трансляции ATG. Область, фланкирующая стартовый кодон ATG, высококонсервативна у всех видов растений [6]. Таким образом, маркеры SCoT могут быть полезны для поиска корреляций между фенотипическими и генетическими данными коллекций гермоплазм цитрусовых и чая.

В связи с этим, ***целью данного исследования*** был поиск и анализ корреляционных связей между генетическими данными на основе SCoT-маркеров и хозяйственно-ценными признаками в коллекциях *Citrus* и *Camellia sinensis*.

Объекты и методы исследований. *Растительный материал.* Материалом исследования служили образцы листьев из коллекций цитрусовых (91 образец) и чая (43 образца) ФИЦ СНЦ РАН.

Экстракция ДНК. ДНК выделяли из свежих листьев. Навеску в 70–100 мг каждого образца измельчали в ступке с жидким азотом. Экстракцию ДНК проводили по протоколу CTAB [5]. Качество выделенной ДНК проверяли с помощью электрофореза в 1 % агарозном геле, концентрацию ДНК измеряли на спектрофотометре BioDrop µLite (Кембридж, Великобритания). Все образцы разводили до 20 нг мкл$^{-1}$ и хранили при –20 °С.

ПЦР-анализ. В работе использовались 36 SCoT-праймеров, которые первоначально были разработаны для *Oryza sativa* [3]. Поэтому мы сначала оценили переносимость этих праймеров на 10 образцах цитрусовых и чая. Для дальнейшей оценки были выбраны эффективные для целей исследования маркеры SCoT (12 – для цитрусовых и 6 – для чая) (табл. 1).

Реакционная смесь состояла из 10 мкл реакционного буфера 2 × HS-TaqPCR («Биолабмикс», Новосибирск, Россия), содержащего Taq-полимеразу Hot Start, 0,4 мкл праймера (10 мкМ), 2 мкл ДНК (20 нг мкл$^{-1}$) и воду, обработанную DEPC, общим объёмом ПЦР 20 мкл. Амплификацию проводили в термоциклере MiniAmp (Thermo Fisher Scientific, Массачусетс, США) по следующей программе: первичная денатурация 5 мин при 95 °С, отжиг 35 циклов, денатурация при 95 °С 1 мин, отжиг при 52 °С в течение 1 мин, элонгация при 72 °С в течение 2 мин и финальная элонгация при 72 °С в течение 5 мин. Разделение фрагментов SCoT проводили на 2%-ном агарозном геле в течение 2,5 ч при 90 В в буфере 1 × TAE.

Таблица 1. Характеристика SCoT-праймеров
Table 1. Characteristics of ScoT-primers

Название праймера	Сиквенс праймера 5′3′	Первоначальный вид	Источник
Citrus			
SCoT2	CAACAATGGCTACCACCC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT6	CAACAATGGCTACCACGC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT9	CAACAATGGCTACCAGCA	*Oryza sativa*	[3]
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT13	ACGACATGGCGACCATCG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT14	ACGACATGGCGACCACGC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT18	ACCATGGCTACCACCGCC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT20	ACCATGGCTACCACCGCG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT21	ACGACATGGCGACCCACA	*Oryza sativa*	[3]
SCoT23	CACCATGGCTACCACCAG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT31	CCATGGCTACCACCGCCT	*Oryza sativa*	[3]
SCoT36	GCAACAATGGCTACCACC	*Oryza sativa*	[3]
Camellia sinensis			
SCoT6	CAACAATGGCTACCACGC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT7	CAACAATGGCTACCACGG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT8	CAACAATGGCTACCACGT	*Oryza sativa*	[3]
SCoT12	ACGACATGGCGACCAACG	*Oryza sativa*	[3]
SCoT26	ACCATGGCTACCACCGTC	*Oryza sativa*	[3]
SCoT33	CCATGGCTACCACCGCAG	*Oryza sativa*	[3]

Фенотипическая оценка коллекций. Основными измеряемыми морфологическими параметрами для образцов цитрусовых были: морозостойкость, высота дерева, наличие шипов, количество семян, количество эмбрионов в семени, вес плода, цвет кожуры, поверхность кожуры, консистенция кожуры, вкус кожуры, цвет мякоти, консистенция мякоти, вкус мякоти, консистенция плодовых мембран; для образцов чая – холодоустойчивость, длина черешка, угол прикрепления листа, длина листа, ширина листа, соотношение длины и ширины листа, площадь листа, форма листа, форма основания листа, форма края листа, поверхность листа, степень зазубренности листа, глубина зазубренности листа.

Статистический анализ. PCA-анализ использовался для обнаружения корреляционных ассоциаций между признаками в коллекциях цитрусовых и чая. Совместная матрица для этих анализов содержала данные фенотипической матрицы (14 оценённых признаков – для цитрусовых и 14 – для чая) и данные генетических маркеров (39 полиморфных полос для образцов цитрусовых и 26 полос – для образцов чая). Стандартизация

данных осуществлялась с помощью функции «Coding by ranks» в программе XLSTAT. Это кодирование выполнялось для генетических данных и для морфологических данных отдельно. После этого результаты кодирования объединялись в совместную матрицу и анализировались методом Pearson (n) PCA типа (уровень значимости при $\alpha = 0,05$).

Результаты и их обсуждение. Чтобы обнаружить возможную корреляцию и соответствие между генетическими и морфологическими данными, мы использовали биплот PCA, представляющий связанные характеристики и отношения переменных (полосы ДНК, морфологические признаки) и наблюдений (образцы коллекций ФИЦ СНЦ РАН *Camellia sinensis* и *Citrus*). Главные компоненты F1 и F2 показали совокупную вариативность 34,91 % для цитрусовых и 27,95 % для чая (рис. 1-2).

Биплот PCA по данным коллекции цитрусовых показал распределение образцов в несколько отдельных групп: мандариновая, апельсиновая, лимонная и лаймовая, и группа кумкватов и понцирусов (рис. 1). В целом наши предыдущие результаты [14] по относительному генетическому полиморфизму среди популяций цитрусовых коллекций соответствовали расположению образцов на графике PCA: самый широкий разброс точек данных наблюдался в популяциях с наибольшим относительным генетическим полиморфизмом (кумкваты и лаймы). Напротив, плотно сгруппированные точки данных указывают на низкий уровень относительного генетического полиморфизма.

Близость образцов к векторам с высокой нагрузкой согласовывалась с влиянием этих характеристик. Так, образцы лимонов и лаймов располагались на положительной стороне F1, вблизи вектора морфологического признака высоты дерева с высокой нагрузкой и маркерных полос SCoT6_1500, SCoT12_850, SCoT14_800, что соответствует более высокой высоте деревьев в этой группе образцов, следовательно, и высокой корреляцией этого морфологического признака с данными маркерами. Кроме того, по биплоту PCA образцы *P. trifoliata* были вблизи вектора морозостойкости, что согласуется с большей устойчивостью этих образцов к холоду [4]. Также группы мандаринов и апельсинов были помещены близко к векторам нескольких морфологических признаков (цвет мякоти, вкус мякоти, консистенция мякоти) и нескольких маркерных полос (SCoT12_500, SCoT12_1200, SCoT9_1200, SCoT21_900, SCoT12_2000, SCoT21_600). Векторы морфологических признаков, таких как консистенция кожуры, количество эмбрионов в семени, количество семян, а также некоторые маркерные полосы (SCoT21_1150, SCoT21_2100, SCoT31_1300, SCoT6_2500, SCoT36_1300) сильно коррелировали друг с другом и были расположены с высокой положительной нагрузкой по оси F1.

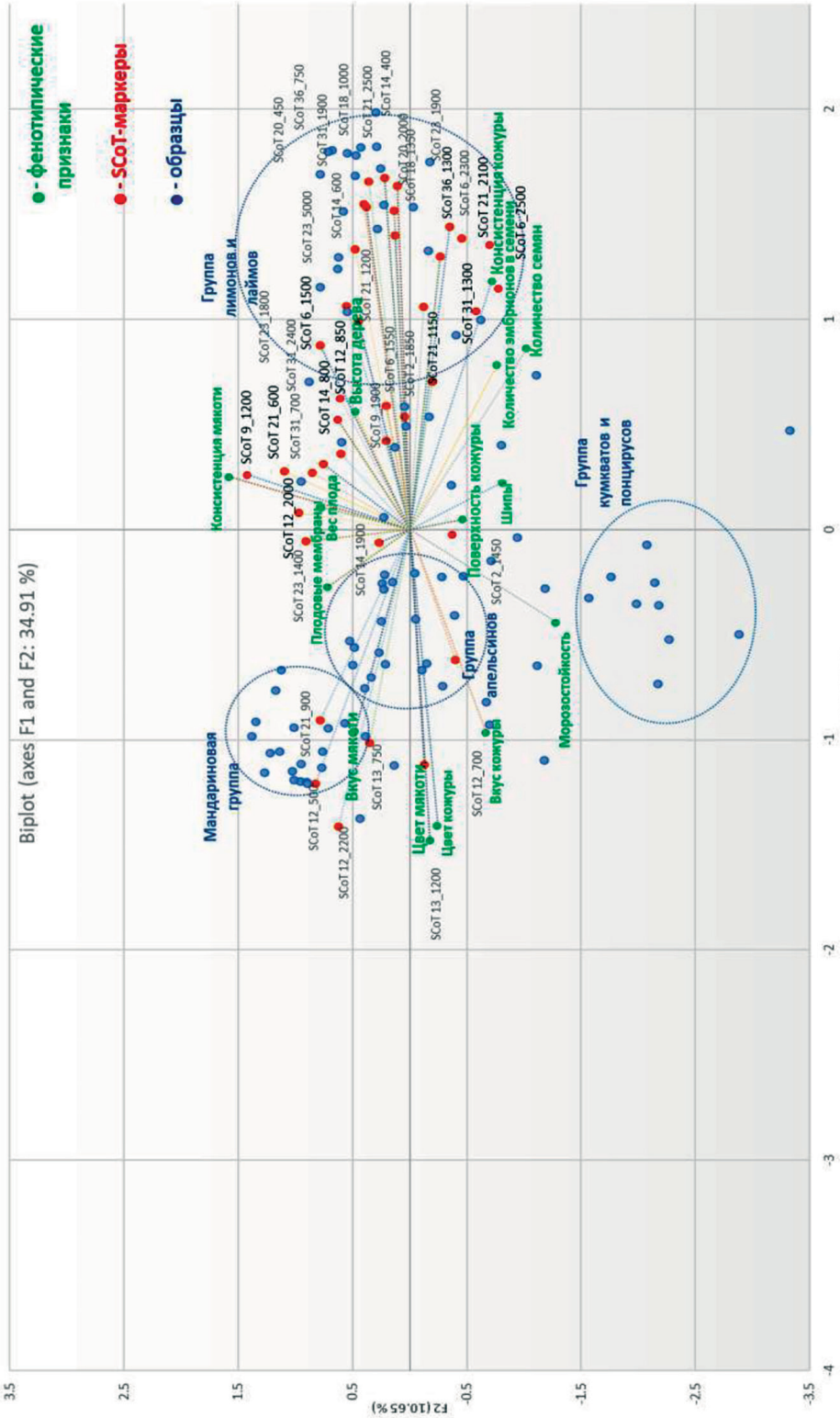

Рис. 1. Биплот PCA морфологических и генетических переменных коллекции *Citrus*

Fig. 1. PCA biplot of morphological and genetic variables of *Citrus* collection

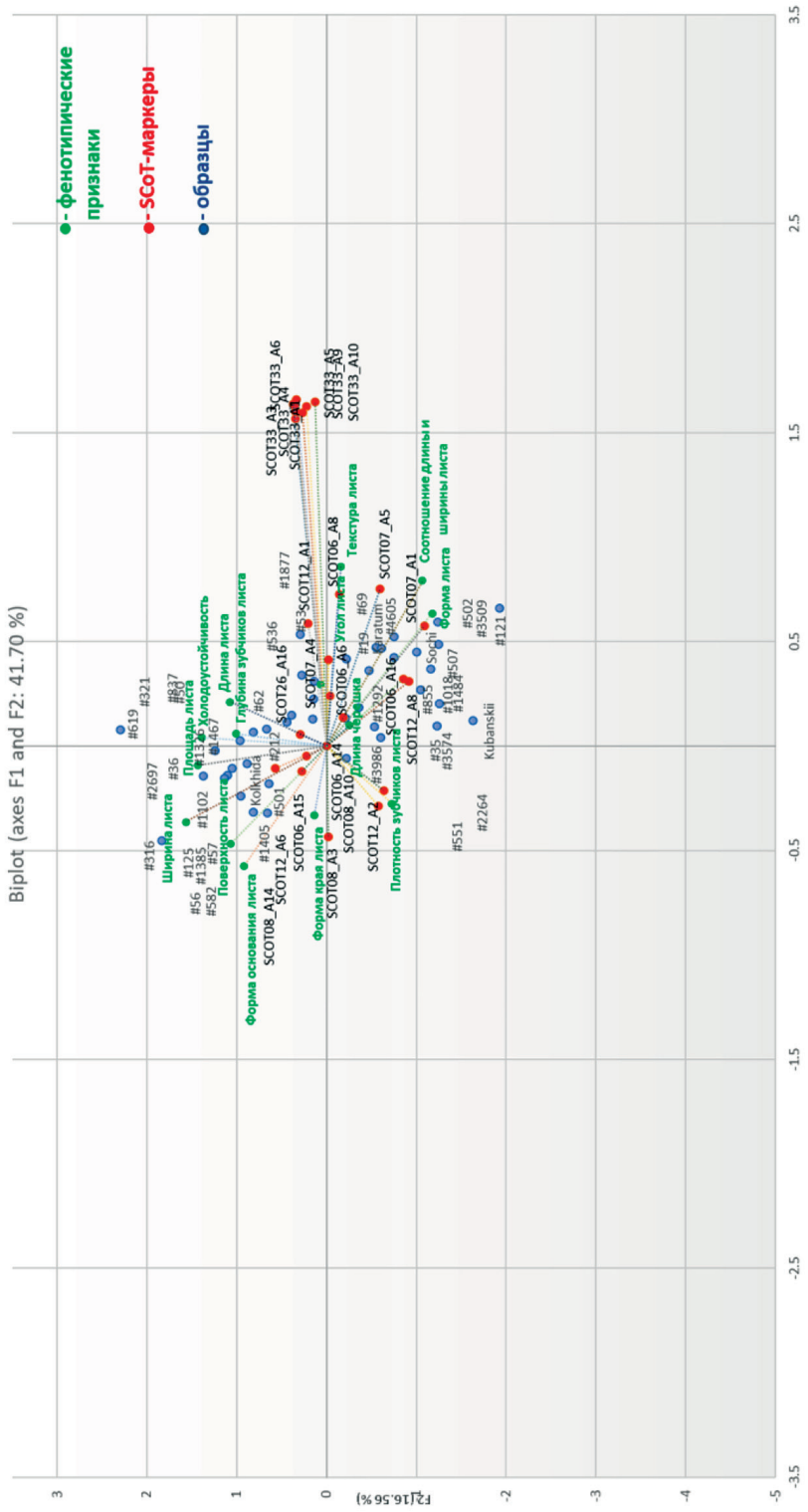

Рис. 2. Биплот PCA морфологических и генетических переменных коллекции *Camellia sinensis*
Fig. 2. PCA biplot of morphological and genetic variables of *Camellia sinensis* collection

Большинство векторов морфологических признаков чая были распределены с высокой нагрузкой и располагались на положительной сторонах F1 и F2 (рис. 2). Разброс точек данных образцов соответствовал относительному генетическому полиморфизму в базовой коллекции чая. Близость образцов к векторам согласовывалась с сильным влиянием этих характеристик (векторов) на ближайшие образцы. Например, образцы генотипов № 619, № 316, № 2697, № 1102, № 1385 и т. д. были размещены ближе к векторам нескольких морфологических признаков с высокой положительной нагрузкой по F2 (ширина листа, площадь листа, поверхность листа, степень зазубренности листа), что соответствовало наибольшей ширине, площади и схожей фактуре поверхности листа в этой группе образцов [21].

Кроме того, несколько маркерных полос SCoT08_A14 и SCoT06_A15 показали тесную связь с образцами ‘Kolkhida’, № 501, № 1405, № 57, однако их нагрузка по F2 была невысокой. С другой стороны, морфологические признаки, такие как поверхность листа, форма листа, соотношение длины и ширины листа и некоторые маркерные полосы (SCoT06_A8, SCoT07_A1, SCoT07_A5, SCoT12_A1, SCoT33_A5, SCoT33_A9, SCoT33_A10), сильно коррелировали друг с другом и были расположены с высокой положительной нагрузкой в F1. Кроме того, результаты PCA показывают, что ряд признаков листьев значительно коррелировали друг с другом, что согласуется с некоторыми другими исследованиями [1, 23].

Таким образом, уникальные полосы ДНК на основе SCoT, связанные с векторами важных агроэкономических признаков и точками данных образцов исследуемых коллекций цитрусовых и чая, могут быть полезны в качестве важных маркеров для дальнейших селекционных работ.

Заключение. В результате исследования на основе PCA анализа были установлены корреляционные связи между генетическими данными SCoT-маркеров и ценными сельскохозяйственными признаками в коллекциях *Citrus* и *Camellia sinensis*.

Установлены корреляции в коллекции цитрусовых: между SCoT-маркерами (SCoT6_1500, SCoT12_850, SCoT14_800), сортами лимонов и лайма и признаком высоты дерева; между маркерами (SCoT9_1200, SCoT12_500, SCoT12_1200, SCoT12_2000, SCoT21_600, SCoT21_900), генотипами мандаринов и апельсинов и морфологическими признаками (цвет мякоти, вкус мякоти, консистенция мякоти); установлены корреляции маркер-признак по SCoT21_1150, SCoT21_2100, SCoT31_1300, SCoT6_2500, SCoT36_1300 и консистенции кожуры, количеству эмбрионов в семени, количеству семян;

Установлены корреляции между SCoT-маркерами (SCoT06_A8, SCoT07_A1, SCoT07_A5, SCoT12_A1, SCoT33_A5, SCoT33_A9, SCoT33_A10) и морфологическими признаками (поверхность листа, форма листа, соотношение длины и ширины листа) в коллекциях чая.

Таким образом, молекулярные маркеры могут быть эффективными для подбора родительских пар при направленном скрещивании. Кроме того, использование комплексных маркерных систем позволит значительно ускорить процесс селекции и повысить её эффективность. Полученные данные будут полезны для маркерной признак-ориентированной селекции исследуемых культур.

Публикация подготовлена в рамках реализации
ГЗ ФИЦ СНЦ РАН FGRW-2024-0005,
№ госрегистрации 1022040700995-7-1.6.4

Список литературы/ References

1. Arantes M.K., da Silva Filho M.P., Pennacchi J.P., Mendonca A.M.C., Barbosa J.P.R.A.D. Phenotypic plasticity of leaf anatomical traits helps to explain gas-exchange response to water shortage in grasses of different photosynthetic types, Theor. Exp. Plant Physiol. 2020; 32 : 341-356. DOI: 10.1007/s40626-020-00190-x.
2. Buer H., Rula S., Wang Z.Y., Fang S., Bai Y.E. Analysis of genetic diversity in *Prunus sibirica* L. in inner Mongolia using SCoT molecular markers, Genet. Resour. Crop Evol. 2022; 69(3) : 1057-1068. DOI: 10.1007/s10722-021-01284-4.
3. Collard B.C.Y., Mackill D.J. Start Codon Targeted (SCoT) Polymorphism: A simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants, Plant Mol. Biol. Rep. 2009; 27 : 86-93. DOI: 10.1007/s11105-008-0060-5.
4. Dahro B., Wang Y., Alhag A., Li C., Guo D., Liu J.H. Genome-wide identification and expression profiling of invertase gene family for abiotic stresses tolerance in *Poncirus trifoliata*, BMC Plant Biol. 2021; 21 : 559. DOI: 10.1186/s12870-021-03337-3.
5. Doyle J.J. Isolation of plant DNA from fresh tissue, Focus. 1990; 12 : 13-15.
6. Etminan A., Pour-Aboughadareh A., Mohammadi R., Ahmadi-Rad A. et al. Applicability of start codon targeted (SCoT) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers for genetic diversity analysis in durum wheat genotypes, Biotechnol. Biotechnol. Equip. 2016; 30 : 1075-1081. DOI: 10.1080/13102818.2016.1228478.
7. Fang K., Xia Z., Li H., Jiang X. et al. Genome-wide association analysis identified molecular markers associated with important tea flavor-related metabolites, Hortic. Res. 2021; 8 : 42. DOI: 10.1038/s41438-021-00477-3.
8. Food and Agriculture Organization of the United Nation, 2024, URL: http://www.fao.org. (The link is active on 25.04.2024).
9. Fu J., Liu H., Hu J., Liang Y. et al. Five Complete Chloroplast Genome Sequences from *Diospyros*: Genome Organization and Comparative Analysis, PLoS ONE. 2016; 11 : e0159566. DOI: 10.1371/journal.pone.0159566.
10. Guan C., Chachar S., Zhan P. et al. Inter- and Intra-specific Genetic Diversity in *Diospyros* Using SCoT and IRAP Markers, Hortic. Plant J. 2020; 6 : 71-80. DOI: 10.1016/j.hpj.2019.12.005.
11. Hazra A., Dasgupta N., Sengupta C., Das S. Next generation crop improvement program: Progress and prospect in tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze), Ann. Agrarian Sci. 2018; 16 : 128-135. DOI: 10.1016/j.aasci.2018.02.002.
12. Jing Z., Ruan X., Wang R., Yang Y. Genetic diversity and relationships between and

within persimmon (*Diospyros* L.) wild species and cultivated varieties by SRAP-markers, Plant Syst. Evol. 2013; 299 : 1485-1492. DOI: 10.1007/s00606-013-0810-1.
13. Juibary P.L., Seyedmehdi F.S., Sheidai M. et al. Genetic structure analysis and genetic finger printing of sweet orange cultivars (*Citrus sinensis* (L.) Osbeck) by using SCoT molecular markers, Genet. Resour. Crop Evol. 2021; 68 : 1645-1654. DOI: 10.1007/s10722-020-01092-2.
14. Kulyan R., Samarina L., Shkhalakhova R., et al. InDel and SCoT Markers for Genetic Diversity Analysis in a Citrus Collection from the Western Caucasus, Int. J. Mol. Sci. 2023; 24 : 8276. DOI: 10.3390/ijms24098276.
15. Picard Tools, 2024, URL: http://broadinstitute.github.io/picard/. The link is active on 25.04.2024.
16. Pinar H., Yildiz E., Kaplankiran M. et al. Molecular characterization of some selected persimmon genotypes and cultivars by srap and ssr markers, Genetika. 2017; 49 : 693-704. DOI: 10.2298/gensr1702693p.
17. Raddová J., Ptáčková H., Čechová J., Ondrášek I. Genetic analysis of the genus *Diospyros* ssp. using RAPD and i-PBS methods, Acta Univ. Agric. Silvic. Mendel. Brun. 2012; 60 : 205-216. DOI: 10.11118/actaun201260080205.
18. Saboori S., Noormohammadi Z., Sheidai M., Marashi S. SCoT molecular markers and genetic fingerprinting of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars, Genet. Resour. Crop Evol. 2020; 67 : 73-82. DOI: 10.1007/s10722-019-00854-x.
19. Samarina L.S., Malyarovskaya V.I., Reim S. et al. Transferability of ISSR, SCoT and SSR Markers for *Chrysanthemum× Morifolium* Ramat and Genetic Relationships Among Commercial Russian Cultivars, Plants. 2021; 10 : 1302. DOI: 10.3390/plants10071302.
20. Samarina L.S., Malyarovskaya V.I., Reim S et al. Genetic Diversity in Diospyros Germplasm in the Western Caucasus Based on SSR and ISSR Polymorphism, Biology. 2021; 10 : 341. DOI: 10.3390/biology10040341.
21. Samarina L.S., Matskiv A.O., Shkhalakhova R.M., et al. Genetic Diversity and Genome Size Variability in the Russian Genebank Collection of Tea Plant [*Camellia sinensis* (L). O. Kuntze], Front. Plant Sci. 2022; 12 : 800141. DOI: 10.3389/fpls.2021.800141.
22. Volk G., Samarina L., Kulyan R. et al. Citrus genebank collections: International collaboration opportunities between the US and Russia, Genet. Resour. Crop. Evol. 2018; 65 : 433-447. DOI: 10.1007/s10722-017-0543-z.
23. Wang M., Zhang J., Guo Z. et al. Morphological variation in *Cynodon dactylon* (L.) Pers., and its relationship with the environment along a longitudinal gradient, Hereditas. 2020; 157 : 4. DOI: 10.1186/s41065-020-00117-1.
24. Wang R.J., Gao X.F., Yang J., Kong X.R. Genome-wide association study to identify favorable SNP allelic variations and candidate genes that control the timing of spring bud flush of tea (*Camellia sinensis*) using SLAF-seq, J. Agr. Food Chem. 2019; 67 : 10380-10391. DOI: 10.1021/acs.jafc.9b03330.

STUDY OF GENOTYPE-PHENOTYPE CORRELATIONS IN *CAMELLIA SINENSIS* (L.) KUNTZE AND *CITRUS* (L.) COLLECTIONS FROM THE WESTERN CAUCASUS BASED ON MORPHOLOGICAL ECONOMICALLY VALUABLE TRAITS AND MULTILOCUS DNA-MARKERS

Shkhalakhova R.M., Koninskaya N.G., Kulyan R.V.

Federal Research Centre
the Subtropical Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences,
Sochi, Russia, e-mail: shhalahova1995@mail.ru

Citrus and tea are among the important crops in terms of global production. The collections of the Federal Research Centre the Subtropical Scientific Centre of RAS are cultivated in a climatic region, which is borderline for these crops; they have a higher genetic variability potential and represent valuable breeding material. To date, modern molecular research methods can significantly accelerate breeding processes through marker-based selection, the necessary stage of which is the establishment of genotype-phenotype relationships. In this study, PCA-analysis was performed to establish such connections based on multilocus DNA SCoT markers (12 for the citrus collection and 6 for the tea collection) and morphological traits valuable for breeding local citrus and tea collections. As a result of the study, the main components F1 and F2 on the biplot graph showed a combined variability of 34.91 % for citrus fruits and 27.95 % for tea. Correlations were established between SCoT markers (SCoT6_1500, SCoT12_850, SCoT14_800), lemon and lime cultivars and a sign of tree height; markers (SCoT9_1200, SCoT12_500, SCoT12_1200, SCoT12_2000, SCoT21_600, SCoT21_900), genotypes of mandarins and oranges and morphological traits (pulp colour, pulp taste, pulp consistency). In addition, marker-trait relationships have been established for SCoT21_1150, SCoT21_2100, SCoT31_1300, SCoT6_2500, SCoT36_1300 and peel consistency, the number of embryos in the seed, and the number of seeds. Correlations have been established between SCoT markers (SCoT06_A8, SCoT07_A1, SCoT07_A5, SCoT12_A1, SCoT33_A5, SCoT33_A9, SCoT33_A10) and morphological traits of tea (leaf surface, leaf shape, leaf length and width ratio) in tea collections. The results obtained will be important for the subsequent accelerated trait-oriented selection of these collections.

Key words: *Camellia sinensis* (L.) Kuntze, *Citrus* (L.), correlations, genotype-phenotype, marker-trait, morphological characters, SCoT-markers.