

СЕКЦІЯ 1.

ГЕНЕТИКА, ГЕНОМІКА ТА ІНШІ «ОМІКИ» РОСЛИН

УДК 633.791:575.113

ВЕНГЕР А. М., КОЛЕСНИК О.О., ВОЛКОВА Н.Е.

Селекційно-генетичний інститут - Національний центр насіннєзварства та сортовивчення
e-mail: venger87@ukr.net; тел. +380630706901

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ FOC-1-6 НУТУ ЗВИЧАЙНОГО ТА ДОМЕНИ ЇХ ПРОДУКТІВ

Серед біотичних обмежень, що впливають на виробництво нуту, фузаріозне в'янення (*Fusarium wilt*), викликане *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*, є основним захворюванням, що знижує врожай до 90 %. Визнано гени (кластери генів) стійкості нуту до *F. oxysporum* f. sp. *ciceris*: *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5* (Chaudhary et al., 2013) та розроблено / валідовано молекулярні маркери (Padaliya et al., 2013; Sabbavarapu et al., 2013; Ahmad et al., 2014; Barman et al., 2014; Varshney et al., 2014).

В Україні досліджено *in vivo* успадкування стійкості до патогенних мікроміцетів *F. oxysporum* f. sp. *ciceris* рослин нуту (сорти Розанна і Тріумф) наступного покоління, отриманих з насіння рослин першого покоління, які в процесі онтогенезу оброблялись на інфекційному фоні регуляторами росту Біолан, Регоплант та Стімпо (Циганкова, 2012).

За морфофізіологічними показниками виявлено гетерозисподібний ефект стійкості до патогенів у досліджуваних проростків нуту. За допомогою молекулярно-генетичного аналізу з використанням методу дот-блот-гібридизації встановлено істотну різницю у відсотку гомології. Проте молекулярно-генетичний поліморфізм та об'ємна структура продуктів даних генів визначена не повністю.

Метою дослідження було визначити поліморфізм та домени продуктів генів *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5*, *Foc-6* біоінформатичними методами.

Матеріалом дослідження слугували 74 нуклеотидні послідовності генів *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5*, *Foc-6* з бази даних Національного центру біотехнологічної інформації (National

center of biotechnology information, NCBI). Виявлення доменів проводили шляхом вирівнювання транслятів даних нуклеотидних послідовностей відносно всієї бази даних NCBI за допомогою онлайн програми DeltaBLAST (у вільному доступі) за алгоритмом Сміта-Уотсона.

Кластерний аналіз та обрахування генетичних дистанцій послідовностей генів НА, НА та НР здійснювали за алгоритмом ClustalW за допомогою програми MEGA 6. Побудову дендрограми здійснювали за парногруповим методом кластеризації з арифметичним усередненням (Unweighted Pair-Group Method), достовірність обраховували за допомогою бут-стреп аналізу при числі реплікацій рівному 500 [Tamura et al., 2011]. Достовірним вважали результат, більший за 70 [Lukashov, 1990].

Варіабельність продуктів генів *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5*, *Foc-6* досліджували шляхом локального вирівнювання добрих послідовностей за алгоритмом Сміта-Уотермана за допомогою програми VectorNTI-11.

Встановлено наявність двох доменів у продуктів генів *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5*, *Foc-6*: *Glyco_hydro_28*, що має гліказилгідролазні, та *Pgi1*, що має полігалактуроназні властивості.

За результатом кластерного аналізу були визначені поліморфні ділянки у інтронах *Foc-1*, *Foc-2*, *Foc-3*, *Foc-4*, *Foc-5*, *Foc-6*. Поліморфізм даних генів здебільшого обумовлений інделями.

Ймовірно, дані домени виконують функції транспорту карбогідратів.

Ключові слова: нут звичайний, фузаріоз, *Foc-1-6*, біоінформатичний та кластерний аналіз.

УДК: 575.113.3:633.854.78

МАХОВА Т. В., ВЕДМЕДЄВА К. В.

Інститут олійних культур НААН, Україна, 69093, Запорізька обл., Запорізький р-н, с. Сонячне, вул. Інститутська, 1
e-mail: vedmedeva.katerina@gmail.com тел. +38(061) 223-99-50.

ВИКОРИСТАННЯ ІДЕНТИФІКАЦІЙНИХ МОРФОЛОГІЧНИХ ОЗНАК У КОЛЕКЦІЯХ СОНЯШНИКУ

Робота з перехресно-запильнильною культурою соняшнику для підтримки колекцій, різноманіття якісного складу колекцій вимагає не аби яких зусиль та коштів. Підтримка зразків

соняшнику потребує ізоляції та перезапилення без доступу пилку з інших зразків. Створенням нового селекційного матеріалу займається багато установ та осіб, кожен з яких не пам'ятає або