

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 насіннезнавства 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 %. Визначено 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 (сортів Розанна і Триумф) наступного покоління, отриманих з насіння рослин першого покоління, які в процесі онтогенезу оброблялись на інфекційному фоні регуляторів росту Біолан, Регоплант та Стімпо (Циганкова, 2012).

За морфологічними 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 транслятивних 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 *HA*, *NA* та *NP* 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 добраних 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 глікозилгідролазні, та *Pgu1*, що має полігалактуроноазні 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-запильною 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 займаються багато установ та осіб, кожен з яких не пам'ятає або

не бажає повідомити дійсне походження своїх зразків. Тому робота з колекціями соняшнику дуже ускладнена їх великою кількістю.

Для оптимізації колекцій необхідно своєчасно встановлювати зразки дублі. Для цього потрібен інструмент, методи і засоби. Крім сучасних і дорогих молекулярно-генетичних досліджень, усім доступний морфологічний опис зразків, яким по більшій частині і користуються. Число морфологічних ознак обмежене і вони не завжди стабільні. Ідентифікація сортів та гібридів соняшника проводиться по загально прийнятій методиці ВОС за 44 морфологічними ознаками. Це дає можливість встановити відмінність нового сорту, гібриду від загальновідомого. Але ця методика вимагає багато зусиль та кваліфікації для встановлення дублів. При чому значна частина цих ознак має високий рівень мінливості та залежності від погодних умов.

За відомими науковими публікаціями В. М. Матус було виділено як сталі ознаки: антоціанового забарвлення гіпокотілю, кольору листка, опушення верхівки листку, кольору трубчастих квіток, галузнення стебла, розміру листка, часу цвітіння, висоти рослини та розміру кошику. Гроніним В.В. показано не придатність кількісних ознак соняшнику для ідентифікації ліній. Шаззо А.А. розробив спосіб ідентифікації рослини олійної сировини у вигляді насіння за рахунок математичного обробитку форми насіння.

В лабораторії генетики та генетичних ресурсів Інституту олійних культур НААН ведеться робота по встановленню мінливості та успадковування окремих морфологічних ознак со-

няшнику. За роки роботи встановлено ознаки які мають досить велику стабільність прояву у кожному зразку та різноманітність у колекціях взагалі.

В результаті проведених багаторічних спостережень, можна виділити дійсно стабільні ознаки, виявлення спорідненого прояву яких в окремих зразках практично завжди вказує на генетичну спорідненість зразків між собою. Це ознаки рецесивні та рідкі у колекціях якісного ряду: забарвлення крайових квітів (лимонне, світло-жовте, оранжеве), забарвлення насіння (біле, смугасте, у крапочку, світло-коричневе та руде), форма крайових квітів (трубчаста, з перетяжкою, полосковидна), форма листка (деградація верхівки листка, віялоподібне жилкування, ложкоподібна листкова пластинка, бахрома краю листка, надмірна зубчастість краю листка, вирости листкової пластинки на черешку), форма листочків обгортки (бульбо подібна, видовжена, з рюшем), наявність гілкування. Наявність цих ознак збільшує вірогідність спорідненого походження більше ніж 50%. Для загального вибору можна використати і кількісні показники, а саме: кількість листків, висоту рослин та масу 1000 насінин. Останні два показники хоч і залежать від умов року, але при використанні їх у зваженому вигляді (використовуючи зважену середню, або стандарт) при поєднанні з вищезгаданими рідкими морфологічними змінами збільшує вірогідність ідентичності ліній практично до 100%.

Ключові слова: соняшник, ознака, стабільність, ідентифікація

УДК 633.11:575.113

НЕПЛІЙ Л.В.¹, ТЕРНОВИЙ К.П.¹, БАЛАН Г.О.²

¹Селекційно-генетичний інститут – національний центр насіннезнавства та сортовивчення, 65036, м. Одеса, вул. Овідіопольська дорога, 3
e-mail: phyto_lab@ukr.net, тел. (048) 7895-225

²Одеський державний аграрний університет, 65000, м. Одеса, вул. Пантелеймонівська, 13
e-mail: fitoizr@gmail.com

ДОСЛІДЖЕННЯ ТОЛЕРАНТНОСТІ ЛІНІЙ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ОДЕСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ ДО ВЖКЯ (ген *Bdv1*)

Хлібні злаки є головною продовольчою складовою нашої країни. Важливою причиною недобору врожаю на 50-70 % є поширення небезпечних хвороб, серед яких переважають вірусні. В Україні жовта карликовість ячменю є однією з найпоширеніших та шкідливих вірусних захворювань злакових культур. Вірус жовтої карликовості ячменю – ВЖКЯ виявлений у осередках хвороб зернових.

В агроценозах зернових колосових культур півдня України домінуючими переносниками основного штама ВЖКЯ *BYDV-PAV* є види попелиць *Rhopalosiphum padi L.* та *Sitobion avenae F.* Вірус передається попелицями персистентно, циркулює, але не розмножується в організмі комахи. У рослині вірус локалізується у флоємі, звідти потрапляє із соком у комаху, після проходження заднього відділу кишківника комахи потрапляє в гемоціль, а після циркуляції в гемолімфі концентрується у слинних залозах. Під час живлення комахи на рослині вірус зі слиною

потрапляє у флоєму. Мінімальний період харчування попелиць на рослинах, необхідних для зараження ВЖКЯ, складає від 17 хвилин до 3-х годин. Напрямок руху вірусу в рослині здебільшого корелює з транспортом вуглеводів, а рух із клітини в клітину відбувається через мезофіл.

Характерними симптомами жовтої карликовості на зернових колосових весною є: на ячмені золотисто-жовтий колір листя, уповільнення росту; на пшениці перші ознаки хвороби - більш темний, порівняно з нормальним, колір листя; уражений овес має червоне листя; у інфікованої кукурудзи листки темно-червоні, навіть пурпурові, часто спостерігається карликовість.

Жовта карликовість негативно впливає на фізіологічний стан рослин, при цьому знижується врожайність. Розвиток ВЖКЯ призводить до 10% щорічних втрат врожаю, а в роки епіфітотій – до 60-90%. Тому хвороба має назву «жовтоа чума злаків». Вірус жовтої карликовості ячменю циркулює в природі протягом року.