

УДК 635.52:577.213.3

**ПРИСЯЖНИК Л. М., ЛЕЩУК Н. В., ГУРСЬКА В. М.**

Український інститут експертизи сортів рослин, 03041, Україна, м. Київ, вул. Генерала Родімцева, 15,

e-mail: sops@sops.gov.ua

e-mail: prysiazhniuk\_l@ukr.net, тел. +380674399392

## **ФІЛОГЕНЕТИЧНІ ЗВ'ЯЗКИ МІЖ РІЗНОВИДАМИ САЛАТУ ПОСІВНОГО (*LACTUCA SATIVA* L.) ЗА EST-SSR МАРКЕРАМИ**

Салат – поширена овочева культура, яка поряд із цінним біохімічним складом, характеризується високою швидкістю досягання та продуктивністю. Генетична мінливість дозволяє видам пристосовуватися до змін навколишнього середовища, незалежно від того, зумовлені ці зміни природними чи техногенними факторами. Дослідження генетичного різноманіття необхідні для забезпечення інформацією щодо програм розмноження, систематики, стійкості до хвороб та селекційних програм, а також збереження та використання генетичних ресурсів *Lactuca sativa* L. Для вивчення генетичного внутрішньовидового різноманіття та з'ясування філогенетичних зв'язків широко використовують SSR (Simple Sequence Repeats) маркери, серед яких особливий інтерес представляють EST-SSR (Expressed Sequence Tag-SSR), які безпосередньо пов'язані з експресуючими областями і широко використовуються для аналізу генетичного різноманіття та структури популяцій. Метою наших досліджень є вивчення молекулярно-генетичного поліморфізму сортів салату посівного різних різновидів для визначення філогенетичних зв'язків між ними.

Матеріалом для досліджень слугували 7 сортів салату посівного: 'Зорепад', 'Малахіт', 'Дублянський', 'Крутянський' (*Lactuca sativa* L. var. *secalina*); 'Смуглянка' (*Lactuca sativa* L. var. *capitata*); 'Скарб' (*Lactuca sativa* L. var. *longifolia*), 'Погонич' (*Lactuca sativa* L. var. *angustana*). ДНК виділяли із 4-денних проростків з використанням катіонного детергенту ЦТАБ (цетилтриметиламоній бромід). Вивчення молекулярно-генетичного поліморфізму сортів салату здійснювали із застосуванням 7 EST-SSR маркерів: KSL-37, KSL-173, KSL-26, KSL-32, KSL-92, KSL-119 та KSL-271. Продукти ампліфікації розділяли за допомогою капілярного електрофорезу з використанням аналізатору нуклеїнових кислот Fragment Analyzer (Agilent Technologies, США) та набору реактивів dsDNA 910 Reagent Kit, 35–1,500 bp. Філогенетичні зв'язки визначали із застосуванням кластерного аналізу. Групування досліджених ліній у кластери проводили за до-

помогою незваженого методу середніх зв'язків (Unweighted pair group average).

Унаслідок аналізу 7 сортів салату посівного за 7 EST-SSR маркерами отримано 37 алелів, в середньому 5,29 алелів на локус. Серед досліджуваних маркерів найполіморфнішим виявився KSL-92, за яким виявлено 7 алелів. Розмір ідентифікованих алелів становив від 193 до 311 п.н., значення PIC 0,57–0,98.

У результаті оцінювання генетичного різноманіття сортів салату за EST-SSR маркерами було визначено генетичні дистанції між ними. Встановлено, що найближчими за досліджуваними EST-SSR маркерами виявились сорти, які сформували по одному кластеру: 'Зорепад' та 'Малахіт', 'Дублянський' та 'Смуглянка' (3,16). Найвіддаленішим виявився сорт 'Скарб' із значеннями генетичних дистанцій 3,74. Сорти 'Зорепад' та 'Малахіт' належать до одного різновиду *Lactuca sativa* L. var. *secalina* та мають високий ступінь генетичної близькості за 7 досліджуваними EST-SSR маркерами. Проте, сорти 'Дублянський' та 'Малахіт', які також знаходяться в одному кластері та мають найнижче значення генетичних дистанцій, є представниками двох різновидів *Lactuca sativa* L. var. *secalina* та *Lactuca sativa* L. var. *capitata*, відповідно. Високі значення генетичних дистанцій між сортами 'Скарб' та 'Погонич', які належать до різновидів *Lactuca sativa* L. var. *longifolia* та *Lactuca sativa* L. var. *angustana*, відповідно, свідчать про їхню генетичну віддаленість від інших досліджуваних сортів.

Отже, за результатами дослідження визначено генетичні дистанції між сортами салату посівного за EST-SSR маркерами. Показано, що найбільший ступінь генетичної близькості за досліджуваними маркерами мають сорти, які належать до одного різновиду. Проте, також відмічено, що близькими є сорти різних різновидів. Такий результат може бути пояснений тим, що EST-SSR знаходяться в кодуючих ділянках генів та є консервативнішими для близьких видів та різновидів, ніж SSR.

*Ключові слова:* ДНК маркери, кластерний аналіз, генетичні дистанції, салат посівний.