

внедрять их в производство, что вкупе со строгим соблюдением технологии возделывания даст значительный экономический эффект.



УДК: 634.83:631.52:631.082.11

Бочарова В.Р., Герус Л.В., Карастан О.М., Ковальова І.А.

Національний науковий центр "Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова"

ВИКОРИСТАННЯ МЕТОДІВ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНОГО АНАЛІЗУ ДЛЯ ОПТИМІЗАЦІЇ ВІДБОРУ ВИХІДНИХ БАТЬКІВСЬКИХ ПАР ДЛЯ СЕЛЕКЦІЇ

Отримання перспективних гібридних рослин з підвищеною продуктивністю являється основним завданням сучасної селекції. Відбір батьківських пар для штучної гібридизації винограду є значущим етапом в селекційному процесі. Для багаторічної культурної рослини, яка розмножується вегетативно, достатньо складно встановити закономірності мінливості кількісних та якісних ознак, які будуть проявлятися у гібридів. Але, безумовно, при наявності необхідної ознаки у батьківської рослини, є імовірність прояву її у нащадків. Тому підбору батьківських пар завжди надається суттєва роль.

Найбільш розповсюджена внутрішньо- та міжсортowa гібридизація. Багато авторів свідчать, що найбільш ефективними є схрещування генетично віддалених батьківських форм, що підвищує рівень гетерозиготності гібриду. Так, Голодрига П.Я. показав (1962), що найбільша кількість (2,5%) перспективних сіянців виділялась за схрещування різних еколого-географічних груп. Такі схрещування можуть спричинити збільшення кількості трансгресивних форм та виникнення явища гетерозису. Тому що, завдяки високому рівню гетерозиготності, виноград

має велику кількість алельних генів, які контролюють проявлення господарсько-цінних ознак, та комбінація їх у нащадків може визвати появу цікавої для отримання нового сорту форми.

Метою роботи було проведення аналізу генетичного споріднення сортів винограду на основі дендрограм, отриманих за допомогою ДНК-аналізу, як інструменту відбору вихідних батьківських пар для підвищення ефективності селекційного процесу.

На першому етапі роботи проведено молекулярно-генетичний аналіз з використанням мікросателітних маркерів ДНК. ПЛР-продукт було візуалізовано за допомогою забарвлення в азотнокислому сріблі. Розраховано розміри мікросателітних алелів за допомогою комп'ютерної програми «Launche Vision Works LS».

Проведено аналіз генетичної спорідненості сортів винограду за результатами виявленого поліморфізму мікросателітних ділянок ДНК. Для визначення рівня спорідненості сортів розраховували генетичні дистанції та проводили кластерний аналіз з використанням програми MEGA 4. Дендрограми генетичної спорідненості сортів отримані з використанням алгоритму Нея і Лі та методу UPGMA.

На основі аналізу генетичних дистанцій зробили висновок про можливість відбору вихідних батьківських пар з сортів, які розподілилися на дендрограмах у найбільш віддалені кластери. Наприклад: Загрей х Сухолиманський білий; Мускат одеський х Сухолиманський білий; Оригінал х Кишмиш таїровський; Оригінал х Мускат жемчужний. В протилежність можна виявити небажані батьківські пари, як наприклад: Одеський чорний х Каберне Совіньон.

Результати аналізу генетичного споріднення сортів на основі дендрограм, отриманих за допомогою мікросателітного аналізу, можна використовувати в якості додаткового чинника для підбору батьківських пар в процесі селекції. Це підвищить діапазон отриманих трансгресивних форм та завадить використанню близькоспоріднених схрещувань.