

УДК 633.15.631.527

Волкова Н.Е.

Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення,

Овідіопольська дор., 3, Одеса, 65036, Україна

Жернаков Т.Ю.

*Одеський національний університет імені І.І. Мечникова,
м. Одеса, Україна*

ГЕНЕТИЧНІ РЕСУРСИ КУКУРУДЗИ УКРАЇНИ: МОЛЕКУЛЯРНА БІОТЕХНОЛОГІЯ ОЦІНКИ

Можливість використання молекулярних біотехнологій в реєстрації сортів як доповнення або заміна морфологічним експертизам розглядається Міжнародним союзом захисту нових сортів рослин (Union pour la Protection des Obtentions Végétales, UPOV) з 2000 року. В 2011 р. на 45 черговій сесії Ради UPOV презентовано рекомендації щодо використання молекулярних маркерів для тестування сортів на відмінність, однорідність, стабільність (UPOV/INF/18/1).

Україна, яка є членом UPOV з 1995 р., має нароби з молекулярної ідентифікації та реєстрації сортів рослин, зокрема, розроблені у Південному біотехнологічному центрі в рослинництві НААН (ПБЦ), який в результаті реформування аграрної науки став відділом Селекційно-генетичного інституту-НЦНС, ДНК-технології диференціації, ідентифікації та реєстрації сортів/ліній/гібридів важливіших сільськогосподарських культур – пшениці, ячменю, кукурудзи, соняшника, рису, жита, сорго, хмелю. Деякі з цих розробок представлено ще в 2001 р. на VII сесії робочої групи UPOV з біохімічних та молекулярних маркерів.

Генетичні ресурси кукурудзи – однієї з найбільш поширених і продуктивних злакових культур в світовому землеробстві, в т. ч. в Україні – потребують інвентаризації з використанням молекулярних біотехнологій. В ПБЦ проведено молекулярно-генетичний аналіз мікросателітної та інших фракцій ядерного

геному кукурудзи на вибірці 188 ліній і гібридів кукурудзи селекції Інституту зернового господарства (м. Дніпропетровськ), Селекційно-генетичного інституту-НЦНС (м. Одеса) і світової селекції. Розроблено тест-панель з 20 мікросателітних (МС) маркерів, з використання якої одержано унікальні для генотипів кукурудзи комбінації алелів. Кожний генотип представлено у вигляді генетичної формули, в якій літерою закодовано МС локус, нижній індекс означає розмір алеля даного локусу (у п. н.). У разі гомозиготного стану локусу вказували один алель.

Використання тест-панелі з 20 МС локусів для реєстрації генотипів має диференціюючий характер, тобто метою такого ДНК-типування є «відрізняння» одного генотипу від іншого. Молекулярно-генетичний аналіз 20 МС локусів є достатнім для «відрізняння» 6^{20} генотипів (якщо середня кількість алелів на локус складає три). Наступним етапом реєстрації є ДНК-типування генів агрономічно важливих ознак, на які спрямовано селекційний процес. Так, генетична формула складається з двох частин: «диференціюючої», що містить дані ДНК-типування 20 МС локусів, і «характеризуючої», що в перспективі буде містити дані ДНК-типування всіх генів. Для заповнення другої частини генетичних формул проведено молекулярно-генетичний аналіз генів, що кодують запасний білок кукурудзи – зеїн, а саме zp1, zp22.1, zms.

Наприклад, генетична формула лінії ГК 26 така (літери А-Т – МС локуси, U-W – гени, що кодують зеїн):

$$A_{109} B_{105} C_{137} D_{128} E_{146} F_{202} G_{170} H_{175} I_{282} J_{159} K_{78} L_{122} M_{131} N_{162} O_{101} P_{94} \\ Q_{376} R_{147} S_{173} T_{159} U_{107} V_{215} W_{288}$$

Таким чином, систематизація генетичних ресурсів селекції на основі ідентифікації генотипу та реєстрації видів, сортів, біотипів, ліній і популяцій, на необхідність якої неодноразово вказував М.І. Вавилов, залишається актуальною задачею та потребує впровадження сучасних молекулярних біотехнологій.

