

УДК575.1

Сиволап Ю.М.

Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насінєзнавства та сортовивчення,

Овідіопольська дор., 3, Одеса, 65036, Україна

ДНК-ТЕХНОЛОГІЇ В ДИФЕРЕНЦІАЦІЇ, ІДЕНТИФІКАЦІЇ І РЕЄСТРАЦІЇ СОРТІВ РОСЛИН

Сучасні біотехнології, вперше застосовані в фарміндустрії, найшли найбільш широке розповсюдження в світовому рослинництві. Генно модифіковані рослини висіваються на площі більше 160 мільйонів гектарів, а MAS і MAB – добір і селекція з допомогою молекулярних ДНК-ових маркерів значно підвищили ефективність селекції, насінництва і охорони авторських прав на сорти рослин.

ДНК-технології ідентифікації сортів базуються на дослідженні організації і мінливості геномів рослин, які почались в 70-х роках минулого століття. Пройдений значний шлях від аналізу вмісту ядерної ДНК, співвідношення фракцій геному за кінетикою реасоціації ДНК, до визначення специфічності генотипу сортів на молекулярному рівні. Значний час геном рослин не привертав особливу увагу молекулярних біологів і молекулярних генетиків із за складності генома рослин і недосконалості методів виділення і аналізу ДНК. Розробка технології визначення молекулярно-генетичного поліморфізму за аналізом розподілу продуктів полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) надала можливості впровадження аналізу ДНК рослин в селекційних масштабах. В Україні вперше ПЛР-аналіз в дослідженні мінливості геному сільськогосподарських рослин впроваджений нами зі співробітниками в 1994 році. В генетико-селекційній роботі набули поширення два типи ПЛР маркерів – полілокусні домінантні і монолокусні ко-домінантні.

Сорт в уявленні молекулярної генетики характеризується унікальним аельним складом агрономічно важливих генів, що відрізняє його від інших сортів. Для диференціації і розподілу

сортів за рівнем генетичної спорідненості найбільш підходять багатолокусні маркери. Розроблені системи розподілу за кластерним аналізом. За аналізом високо варіабельних повторів будуються дендрограми і сорти розподіляються за генетичними дистанціями. Ко-домінантні монолокусні поліалелні маркери найбільш ефективні для ідентифікації і реєстрації сортів, ліній, гібридів. Крім того, можливість визначення гетерозиготи, дозволяє розглянути структуру сорту і його відповідність вимогам DUS-тесту щодо одноманітності.

Суттєвим досягненням є розробка технології ДНК-типування сортів і представлення у вигляді генетичних формул, де аналізуємий локус кодується латинською літерою, а розмір алелю визначається нижнім індексом. Створення бази даних (банку ДНК-типування) сортів дозволяє значно скоротити і здешевити визначення новизни кандидату в сорти. Замість двох років польових випробувань – 10 днів лабораторного аналізу. Генетична формула сорту складається з двох частин – ідентифікаційної і інформаційної. Остання частина містить дані про алейний стан агрономічно важливих генів, наявність транслокацій, генних конструкцій та ін. Вирізняльність (відмітність) за генетичною формулою сорту здійснюється набагато більш точно, ніж за морфологічними аналізами і потребує 10-12 робочих днів замість двох років затратних польових випробувань, результати яких залежать від умов вирощування.

Сучасний стан реформування аграрно промислового комплексу України і аграрної науки потребує впровадження новітніх біотехнологій і, перш за все, ДНК технологій. Для цього необхідно створення Державної програми з впровадження сучасних біотехнологій в рослинництво і, зокрема, в експертизу сортів. Для створення інформаційної бази даних сортів зареєстрованих в Україні треба залучення 5-7 лабораторій з сучасним обладнанням, фахівцями з молекулярної генетики рослин і відповідне фінансування.