

же час ціна на молекулярне маркування зменшується. Перевагою методів молекулярного маркування є те, що алельні характеристики за важливими, з точки зору сільськогосподарського виробництва, генами не підлягають впливу умов навколишнього середовища і дають можливість більш досконало диференціювати генотипи, відображати генетичний потенціал та прогнозувати адаптивність сортів.

Використання додаткової інформації, щодо алельної характеристики генів, значно покращить загальну характеристику сорту та буде корисною як для селекціонерів, так і для аграріїв і споживачів.



УДК 633.11:601.4:575.116.4

Чеченєва Т.М.

Інститут фізіології рослин і генетики НАН України

Кисельов Д.О.

Інститут садівництва НААН України

Шаванова К.Є.

Національний університет біоресурсів і природокористування України

ВИЗНАЧЕННЯ ПОЛІМОРФІЗМУ М'ЯКОЇ ПШЕНИЦІ УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ ЗА ДОПОМОГОЮ РЕТРО- ТРАНСПОЗОНУ CASSANDRA

У злакових і цитрусових, на відміну від інших рослин, ретро-транспозони локалізовані зчеплено і утворюють великі домени, що перериваються генами (Kalendar, 2010). Маркери засновані на оцінці поліморфізму ділянок ДНК пов'язаних з ретротранспозонами можуть бути ефективними в дослідженнях генофонду рослин, зокрема, озимої м'якої пшениці. IRAP – метод ампліфікації геномної ДНК між близько розташованими послідовностями ретротранспозонів. Продукт ПЛР-ампліфікації ДНК

є стабільним генетичним IRAP-маркером. Поліморфізм може бути обумовлений мутацією в ділянці зв'язування праймера або вбудовуванням ретротранспозона Cassandra в ділянку геномної ДНК. Ретротранспозон Cassandra містить кінцеві повтори та внутрішній домен з сигналом для зворотної транскрипції.

Вихідним матеріалом були сорти озимої м'якої пшениці Колумбія, Поліська 90, Подолянка, Ятрань 60, Білоцерківська напівкарликова, Миронівська 61 та стійкий до хвороб, зокрема до фузаріозу, китайський сорт ярої м'якої пшениці Сумай.

Для IRAP-ПЛР використовували праймери до ділянок кінцевих повторів ретротранспозону Cassandra (Kalendar, 2008). Обробку результатів проводили за допомогою комп'ютерної програми POPGENE32, оцінювали частку поліморфних локусів, загальне та ефективне число алелей, очікувану та фактичну гетерозиготність.

Кожен ампліфікований фрагмент вважали домінантним алелем окремого локусу, відсутність – рецесивним алелем. Загалом отримано 17 ампліфікованих фрагментів, 4 з яких були відмічені у всіх досліджуваних сортів, високо поліморфними були 5 локусів. Локус P2-13 (550 п.н.) був специфічним для сорту Поліська 90. Загальний рівень міжсортового поліморфізму складав 76, 47%. Показники середньої та очікуваної гетерозиготності становили 32,6 та 32,8%, що дозволяє оцінити генетичну різноманітність досліджуваних сортів. Середня кількість алелей по всіх локусах – 1,76, кількість ефективних алелей (N_e) – 1,58. Високоінформативними є локуси P2-7, P2-8, P2-9, P2-12. Значення N_e для них – 1,96.

Для досліджуваних сортів показник генетичної відстані за N_e складав 0,06 – 1,04, що свідчить про значну генетичну гетерогенність. При побудові дендрограм філогенетичних зв'язків досліджуваних сортів виявлено два основні кластери. До першого ввійшли сорти Миронівська 61, Ятрань 60, Подолянка та Сумай 3, до другого – Білоцерківська напівкарликова, Колумбія та Поліська 90. Сорт ярої м'якої пшениці Сумай 3 виявився за дослідним генетичним маркером генетично близьким до озимих сортів української селекції.