

О.Р. ЛАХНЕКО, Л.Г. ВЕЛИКОЖОН, С.М. СІЧКАР, А.І. СТЕПАНЕНКО,
Б.В. МОРГУН

Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України
Інститут фізіології рослин і генетики НАН України

ПОРІВНЯЛЬНА ОЦІНКА ГЕНОТИПІВ TRITICUM SPELTA ТА TRITICUM AESTIVUM ЗА ДОПОМОГОЮ МІКРОСАТЕЛІТНИХ МАРКЕРІВ

Молекулярні маркери є цінним інструментом у дослідженні генетичного матеріалу рослин. Особливе місце належить SSR-маркерам (мікросателітні послідовності), які є тандемними повторами 1-5 пар нуклеотидів у геномах еукаріот. Їх особливість полягає в тому, що вони є кодомінантними маркерами і, отже, порівняльний аналіз таких ДНК-локусів дозволяє перевіряти близькі сорти на сортові чистоту та відповідність, а також встановлювати філогенетичні зв'язки. На сьогодні, для поліпшення харчової цінності зерна пшениці активно використовують генетичний пул вітчизняних та зарубіжних сортів спельти, яка в порівнянні з пшеницею має більш збалансований та цінний біохімічний склад зерна. Для контролю гібридів між спельтою та пшеницею доцільно використання ДНК-маркерів як для оцінки перенесення алелів цінних генів, так і для дослідження процесу перенесення ділянок хромосом та процесів рекомбінації.

Метою роботи був підбір ефективних SSR маркерів для контролю гібридів спельти і пшениці та порівняльна оцінка генотипів 12 зразків спельти з генотипами районуваних сортів пшениці м'якої Подільянка й Ятрань 60 по локусах *Xgwm18*, *Xgwm193*, *Xgwm219*,

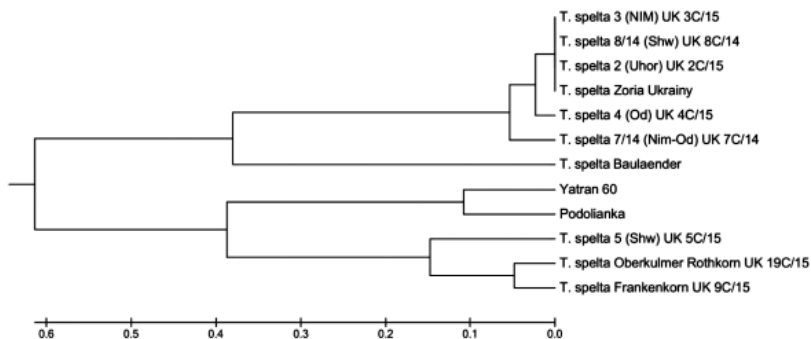


Рис. Дендрограма філогенетичних зв'язків генотипів спельти та м'якої пшениці

Xgwm261, Xgwm383, Xgwm469, Xgwm508, Xgwm626, Xgwm642 (Roder et al. 1998).

У результаті аналізу були створені молекулярно-генетичні паспорти досліджених генотипів та побудовано філогенетичне дерево (рис.).

Дані чітко вказують, що філогенетичне дерево поділяється на два головні кластери. До першого увійшли 7 зразків спельти, чотири з яких виявились генетично дуже подібними відповідно до проведеного мікросателітного аналізу. Отже, для оцінки чотирьох подібних генотипів спельти бажаним є підбір додаткових ДНК-маркерів. Другий кластер містить субкластерні групи з двома сортами пшениці м'якої Подолянка та Ятрань 60. Решта три зразки спельти належать до іншого субкластера.

У цілому, використання підібраних локусів буде ефективним при оцінці гібридів між м'якою пшеницею і спельтою та дозволить інтенсифікувати створення нових елітних сортів пшениці.

УДК 575.17 + 575.174.015.3

Н.О. Козуб^{1,2}, І.О. Созінов¹, Я.Б. Блюм², О.О. Созінов²

¹ Інститут захисту рослин НААН, Україна

² ДУ "Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України"

ДЕЯКІ ЕФЕКТИ ПРИСУТНОСТІ ПШЕНИЧНО-ЖИТНІХ ТРАНСЛОКАЦІЙ З 1RS У ГЕНОМІ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ТА СТВОРЕННЯ ЛІНІЙ З РЕКОМБІНАНТНИМИ ТРАНСЛОКАЦІЯМИ

Пшенично-житні транслокації 1BL/1RS та 1AL/1RS є найпоширенішими інтрогресіями в комерційних сортах пшениці м'якої. Проаналізовано частоти сортів з 1BL/1RS (типу Кавказ) та 1AL/1RS (типу Аміго) серед 362 сортів пшениці м'якої озимої української селекції, створених у різні періоди часу. Пшенично-житня транслокація 1BL/1RS є розповсюдженою серед сортів зони Центрального Лісостепу, на відміну від сортів інших регіонів України, що говорить про її адаптивне значення для даної зони. В останні 20 років зростає частка сортів з пшенично-житньою 1AL/1RS транслокацією. У загальному, одну з пшенично-житніх транслокацій (1BL/1RS чи 1AL/1RS) мають 18% українських сортів.

У гібридів, гетерозиготних за 1BL/1RS транслокацією типу Кавказ, спостерігається знижена частота передачі 1BL/1RS транслокації через чоловічі гамети (40%), що узгоджується з раніше одержаними даними, значно менше відхилення виявлено для передачі 1BL/1RS транслокації також через жіночі гамети (47,5%). У наших дослідженнях зерен F₂ (від 5 комбінацій схрещування з