

СУЧАСНІ МЕТОДИ ГЕНЕТИЧНОГО АНАЛІЗУ В СЕЛЕКЦІЇ РОСЛИН

БАТАШОВА М.Є., доцент кафедри селекції, насінництва і генетики ПДАА,
КРИВОРУЧКО Л.М., асистент селекції, насінництва і генетики ПДАА.

Одним із важливих аспектів генетики і селекції рослин є детальна характеристика досліджуваного матеріалу. Створені в результаті селекції сорти рослин поєднують в собі унікальні комбінації алелей генів, що забезпечують як формування важливих господарсько-корисних ознак, так і адаптацію к біотичним та абіотичним факторам середовища. Генетичний аналіз ознак, їх природи та характеру успадкування є основою успішного ведення селекції будь-якої культури. Сучасні методи молекулярної генетики перевели генетичний аналіз організмів на новий, більш технологічний рівень завдяки можливості дослідження безпосередньо ДНК, її окремих фрагментів, секвенування геномів. Молекулярно-генетичні дослідження дають чітке уявлення про процеси, що відбуваються від гену до ознаки, та про те, як зміна послідовності нуклеотидів ДНК впливає на варіабельність ознак. Інформація, отримана методами молекулярної генетики, суттєво доповнює дані генетичного аналізу [1]. Однак, селекція не може засновуватися лише на даних молекулярно-генетичного аналізу. Найбільшої результативності при веденні селекційного процесу можна досягти лише при поєднанні класичної та молекулярної генетики.

Селекція з використанням маркерів, що тісно зчеплені з бажаною ознакою, дозволяє добирати рослини з необхідною комбінацією генів, що значно підвищує ефективність селекційних програм. Один із новітніх напрямків селекції – це MAS-селекція (marker-assisted selection), так званий добір з використанням молекулярних маркерів.

Технологія використання молекулярних маркерів ДНК для дослідження сортів, ліній, гібридів, колекцій вихідного матеріалу вже застосована на багатьох культурах: зернових, бобових та інших [2]. Це дозволяє проводити ідентифікацію генотипів, встановлювати генетичну спорідненість та вивчати генеалогію сортів, навіть в історичному контексті. Для ДНК-маркерів характерна високополіморфна природа, кодомінантне успадкування (можливість відрізнити гомо- і гетерозиготний стан), високий ступінь присутності в геномі, нейтральність до умов оточуючого середовища. Найбільш ефективними є маркери, основані на методі полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР): AFLP, SSR, ISSR, SNR [3].

Полтавський селекційний центр разом із Центром агрономічних досліджень CARAH (Бельгія) вже більше 10 років проводить аналіз сортів та

селекційного матеріалу за допомогою молекулярних маркерів ДНК. Для аналізу генетичної спорідненості нами використані AFLP-маркери та SSR-маркери. Це дозволило проаналізувати велику кількість ліній та сортів і встановити відмінності навіть між лініями однієї комбінації схрещування. SSR-маркери (simple sequences repeats markers) є зручним інструментом вивчення генетичної спорідненості сортів та ліній, який дозволяє визначити відмінності навіть між нащадками однієї пари схрещування, встановити відповідність гібридів батьківським формам, дослідити походження сорту. SSR-маркери мають кодомінантну природу, є високополіморфними та високоінформативними маркерами. Зокрема для пшениці на сьогодні відомо більше 1000 високоспецифічних SSR-маркерів, встановлена їх локалізація в групах зчеплення та асоціація з певними маркерними генами. Відомо, що генетичне різноманіття серед сучасних комерційних сортів пшениці має тенденцію до звуження в порівнянні із застарілими та стародавніми сортами. Внаслідок подібності багатьох сортів за господарсько-корисними ознаками, для їх ідентифікації можна ефективно застосовувати молекулярні маркери ДНК, а саме SSR-маркери [4].

Використання ДНК-маркерів в аналізі генетичної спорідненості сортів та ліній озимої пшениці селекції Полтавського селекційного центру та інших установ України дозволив нам встановити наявність рідкісних алелей досліджуваних маркерів та їх комбінації, характерних лише для сортів Полтавської селекції. Це свідчить про унікальність селекційного матеріалу озимої пшениці в Полтавському селекцентрі, який був створений та отселектований в складних та мінливих умовах нашого регіону.

Список використаної літератури:

1. Сиволап Ю.М. Вариабельность и специфичность геномов сельскохозяйственных растений / Ю.М. Сиволап, Кожухова Н.Э., Календарь Р.Н. Одесса «Астропринт», 2011. 335 с.
2. Гончаров Н.П. Методические основы селекции растений. / Н.П. Гончаров, П.Л. Гончаров. -Новосибирск. -Изд. «Гео», 2009. – 423 с.
3. Чесноков Ю.В. Генетические ресурсы растений и современные методы ДНК-типирования. / Ю.В. Чесноков. -Санкт-Петербург, 2007. -80 с.
4. Röder M.S. A microsatellite map of wheat. / M.S. Röder, V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M.H. Tixier, P. Leroy, M.W. Ganal. // Genetics. - 1998. -149. –P. 2007-2023.