

# ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО РІЗНОМАНІТТЯ ГОРОХУ ЗА ДОПОМОГОЮ SSR-МАРКЕРІВ

## Estimation of genetic diversity of pea using SSR-markers

М.Є. Баташова, Л.М. Криворучко

M. E. Batashova, L.M. Kryvoruchko

Полтавська державна аграрна академія

Poltava State Agrarian Academy

e-mail: [mb.instagro@gmail.com](mailto:mb.instagro@gmail.com)

*Генетическое разнообразие форм вида *Pisum sativum* достаточно большое, однако большинство современных сортов характеризуются схожим морфотипом, и отличия могут проявляться лишь в их адаптационной способности. Нами проведен 25 сортообразцов гороха за 7 SSR-маркерами. Показано, что сорта гороха с афильным типом листка сформировали достаточно узкий кластер, что указывает на сужение исходного материала в селекции гороха.*

*Genetic diversity of *Pisum sativum* is great but almost recent varieties have the same morphotype and their differences appear only in adaptive ability to environment. We investigate 25 pea accessions using 7 SSR-markers. It was shown that afile-type varieties make a very closed cluster that indicate on narrowing of resources for pea breeding.*

Мікросателітні SSR-маркери, відомі також як прості повторювані послідовності, часто використовуються для оцінки генетичного різноманіття багатьох культур завдяки їх точності, інформативності, кодомінантності, презентативності та високому поліморфізму. Це так звана маркерна, або MAS-селекція, яка останні роки широко залучається для оцінки, прискорення та покращення селекційних програм цілого ряду бобових культур: сої, гороху, квасолі, бобів, сочевичі та інших.

Генетичне різноманіття форм виду *Pisum sativum* доволі велике. Однак, більшість сучасних сортів характеризуються схожим морфотипом: афильний (безлисточковий) тип листка, вкорочені та потовщені міжвузля, що відповідно надає рослинам стійкості до вилягання, збільшені показники генеративної сфери рослини (кількість бобів, кількість насіння, кількість насінневих зачатків в бобі, крупність насіння), високий вміст білку, стійкість до хвороб та підвищена здатність до симбіотичної азотфіксації. При цьому, більшість сортів інколи важко розрізнити візуально, і відмінності між ними можуть проявлятися в їх адаптаційній здатності до певних умов вирощування.

Нами був проведений аналіз 25 сортозразків гороху із навчальної колекції за 7 SSR-маркерами. Дана колекція містить сучасні сорти гороху Полтавського селкцентру, інші сорти, лінії із різним типом листка, сорти гороху польового (пелюшки) та дикі підвиди із колекції Національного генбанку. Дослідження проводились в рамках співробітництва між Полтавською державною аграрною академією та Центром агрономічних досліджень CARAH (Бельгія). Методика виділення ДНК з проростків та проведення ПЛР здійснювались відповідно до протоколів CARAH. Аналіз фрагментів ДНК проводився за допомогою капілярного електрофорезу Genetic Analysis System Genome Lab GeXP (Beckman Coulter, USA).

В результаті аналізу SSR-фрагментів нами було показано, що сорти гороху із афильним типом листка полтавської і харківської селекції сформували один достатньо вузький кластер.

Це вказує на можливе використання одних предків в родоводі цих сучасних вусатих сортів гороху. Також, досліджені нами сорт Батрак російської селекції та одержана на його основі мутантна форма із розсіченим типом листка виявились генетично ідентичними за представленими маркерами.

Більш різноманітними та генетично віддаленими виявились сорти гороху польового (пелюшка): Розоцветущая, Blue Pod, Golden Snow, овочеві лінії та дикі підвиди (*abyssinicum*, *syriacum*, *elatus*). Отримані дані вказують на неминуче звуження генетичного різноманіття при використанні в селекції вузького набору вихідних форм. Звичайно, селекціонер підбирає кращі форми для успішної реалізації селекційних програм, однак важливим аспектом такої роботи є високий рівень генетичного різноманіття робочої колекції, що дасть можливість в подальшій роботі швидко та вдало підібрати вихідний матеріал для створення нових сортів на вимогу сучасного аграрного виробництва.