

# ВИВЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОЇ СПОРІДНЕНОСТІ СОРТІВ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ З ВИКОРИСТАННЯМ МОЛЕКУЛЯРНИХ SSR-МАРКЕРІВ

Криворучко Л.М., доцент кафедри селекції, насінництва та генетики,  
кандидат сільськогосподарських наук

Баташова М.Є., селекціонер компанії Лімагрейн, кандидат  
біологічних наук

*Полтавський державний аграрний університет*

Полтавський селекційний центр разом із Центром агрономічних досліджень CARAN (Бельгія) проводить аналіз сортів та селекційного матеріалу за допомогою молекулярних маркерів ДНК. Внаслідок подібності багатьох сортів за господарсько-корисними ознаками, для їх ідентифікації можна ефективно застосовувати молекулярні маркери ДНК, а саме SSR-маркери. Для аналізу генетичної спорідненості нами використані AFLP-маркери та SSR-маркери. Це дозволило проаналізувати велику кількість ліній та сортів і виявити відмінності навіть між лініями однієї комбінації схрещування. SSR-маркери є зручним інструментом вивчення генетичної спорідненості сортів та ліній, який дозволяє визначити відмінності навіть між нащадками однієї пари схрещування, визначити відповідність гібридів батьківським формам, дослідити походження сорту. Зокрема, для пшениці на сьогодні відомо більше 1000 високоспеціфічних SSR-маркерів, виявлена їх локалізація в групах зчеплення та асоціація з певними маркерними генами. Ці маркери є високополіморфними, мають кодомінантне успадкування, широко представлені у геномі, а також асоційовані із генами важливих господарсько-корисних ознак [1,2].

Проведений аналіз 42 сортів та ліній пшениці озимої Полтавського селекційного центру за 11 SSR маркерами: *Xgwm11(1B)*, *Xgwm44(7D)*, *Xgwm46(7B)*, *Xgwm135(1A)*, *Xgwm174(5D)*, *Xgwm186(5A)*, *Xgwm194(4D)*, *Xgwm219(6B)*, *Xgwm312(2A)*, *Xgwm372(2A)*, *Xgwm389(3B)*.

Найбільш поліморфними в нашому дослідженні виявились *Xgwm174* (PIC – 0.88), *Xgwm389* (PIC – 0.84) і *Xgwm372* (PIC – 0.84).

Праймери, використані в даному дослідженні, були підібрані на основі літературних даних [3,4]. Критеріями добору праймерів були: рівень поліморфізму (PIC), довжина отриманого фрагменту та подібність за температурою віджигу.

*Характеристика SSR маркерів.* Для дослідження мікросателітних локусів в роботі ми використовували 37 пар олігонуклеотидних праймерів. Кожна з цих пар праймерів дозволяє досліджувати один *Xgwm*-локус.

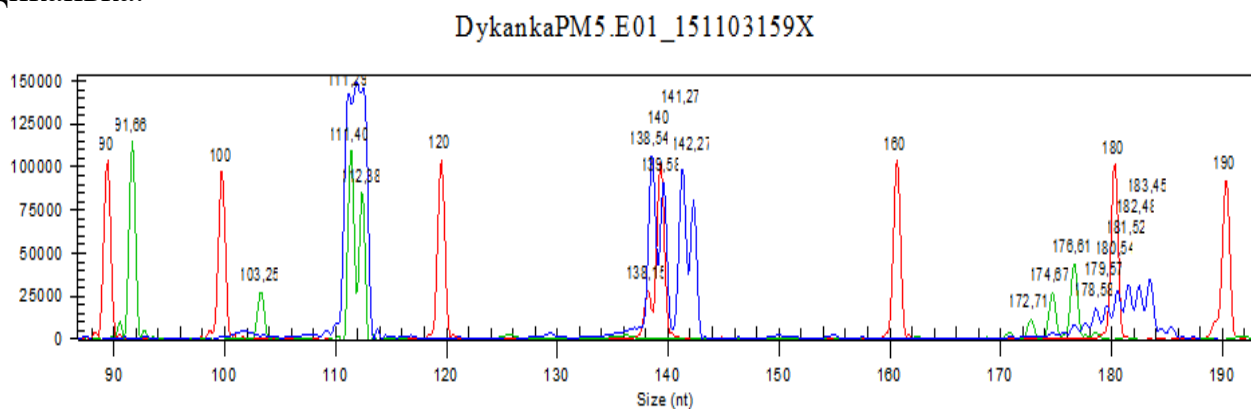
Кількість виявлених алелей на один локус варіювало від 6 (*Xgwm 135, 219*) до 15 у *Xgwm 174*. Всього для досліджених 11 локусів ідентифіковано 97 алелей, серед них виявлено 25 унікальних алелей, тобто кожна з них була присутня тільки в одному генотипі. Найбільше унікальних алелей виявлено за локусом *Xgwm 174* (хромосома 5D, 15 алелей) – 5 унікальних алелей, та за локусом *Xgwm 11* (хромосома 1B, 8 алелей) - 4 унікальних алелей. Також нами був розрахований

індекс поліморфізму (PIC) який характеризує мінливість даних локусів. Найбільш поліморфними в нашому дослідженні виявились маркери: Xgwm 174 (PIC – 0.88), Xgwm 389 (PIC – 0.84) і Xgwm 372 (PIC – 0.84).

У результаті аналізу молекулярного розміру отриманих фрагментів ДНК (SSR-маркерів) у сортів та ліній пшениці озимої ми отримали розподіл сортів і ліній за генетичною спорідненістю на 8 кластерів.

Варто відмітити, що унікальні алелі мали тенденцію до виникнення в певних генотипах. Так, сорт Диканька селекції ПДАА мав у своєму генотипі 4 унікальних алелі досліджених маркерів. Більш мінливі локуси із великою кількістю унікальних алелей дозволяють вивчати сортовий матеріал пшениці за генетичною спорідненістю.

Рис. 1. Фрагмент ДНК аналізу SSR-маркерів сорту пшениці озимої Диканька.



Подібна інформація може бути корисною для підбору батьківських пар у гібридизації, ідентифікації сортів та виведенні генетичного різноманіття. В нашому дослідженні ми використовували ці маркери для встановлення рівня генетичної спорідненості сортів та виявлення унікальних генотипів що можуть бути цінними для селекції.

### Список літературних джерел

1. Tyrka M. Fingerprinting of common wheat cultivars with an Alw44I-based AFLP method. *J.Appl.Genet.* -2004. -45(4). P. 405-410.
2. Somers D., Isaac P., Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum*L.). *Theoretical and Applied Genetics.* 2004. 109:1105–1114.
3. Röder M.S. A microsatellite map of wheat. M.S. Röder, V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M.H. Tixier, P. Leroy, M.W. Galal. *Genetics.* -1998. -149. – P. 2007-2023.
4. Song Q., Shi J., Singh S., Fickus E., et al. Development and mapping of microsatellite (SSR) markers in wheat. *Theoretical and Applied Genetics.* 2005. P. 550–560.