

3. Зубець М.В. Невідкладні завдання вчених-селекціонерів // Вісник аграрної науки.— 2000.— №12.— С. 5–8.

4. Кудряшов И.Н. Посевная мозаика // Агробизнес.— 2003.— №5.— С. 15–16.

5. Романенко А.А. Новая сортовая политика и сортовая агротехника озимой пшеницы / А.А. Романенко, Л.А. Беспалова, И.Н. Кудряшов и др.— Краснодар, 2005.— 224 с.

6. Eberhart S.A. Stability parameters for comparing varieties / Eberhart S.A., Russell W.A. // Crop. Sci.— 1966.— Vol.6.— №1.— P. 36–40.

7. Базалій В.В. Оптимізація сортового складу озимої пшениці за параметрами екологічної стійкості в умовах південного Степу України / В.В. Базалій, О.В. Ларченко, Г.Г. Базалій // Міжвідомчий тематичний науковий вісник “Селекція і насінництво”, 2008.— Вип.96.— С. 361–369.

Резюме

Нині необхідна нова сортова політика, яка направлена на оптимізацію відповідності генетичних особливостей сортів до умов їх вирощування. Використання позитивного ефекту цієї взаємодії у виробничих умовах шляхом проведення сортового складу до конкретних агротехнологічних умов, не викликає допоміжних витрат на інтенсифікацію технологій і сортозміни, але здатне підвищити урожайність в господарствах.

Сейчас необходима новая сортовая политика, которая направлена на оптимизацию соответствия генетических особенностей сортов к условиям их возделывания. Использование положительного эффекта этого взаимодействия в производственных условиях путем проведения сортового состава к конкретным агротехнологическим условиям, не вызывает дополнительных затрат на интенсификацию технологий и сортосмены, но способное поднять урожайность в хозяйствах.

A new of high quality policy which is directed on optimization of accordance of genetic features of sorts to the terms of their growing is presently needed. Use of positive effect of this cooperation in production terms by the lead through of high quality composition to the concrete agrarian its terms, does not cause auxiliary charges on intensification of technologies and changing of sorts, but it is able to promote the productivity in agricultural enterprise.

БОРХЕРТ Е.В.¹, КУДРЯВЦЕВ А.М.¹, ОКУНЕВА И.Б.², КОНОВАЛОВ Ф.А.¹, РЕБРИКОВ Д.В.¹

¹ Учреждение Российской Академии Наук Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Россия, 119991, Москва, ул. Губкина, д.3, ГСП 1, e-mail: sasha1@inbox.ru

² Учреждение Российской академии наук Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина РАН, Россия, 127276, Москва, Ботаническая ул., д.4.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ СОРТОВ СИРЕНИ ОБЫКНОВЕННОЙ (*SYRINGA VULGARIS* L.) ПО САЙТАМ ИНТЕГРАЦИИ РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ ГРУППЫ *TU1* *SORJA LIKE*

Сирень обыкновенная (*Syringa vulgaris* L.) является широко распространенной декоративной культурой, в мире насчитывается порядка 1700 сортов сирени обыкновенной. Несмотря на это сирень является генетически малоизученным растением.

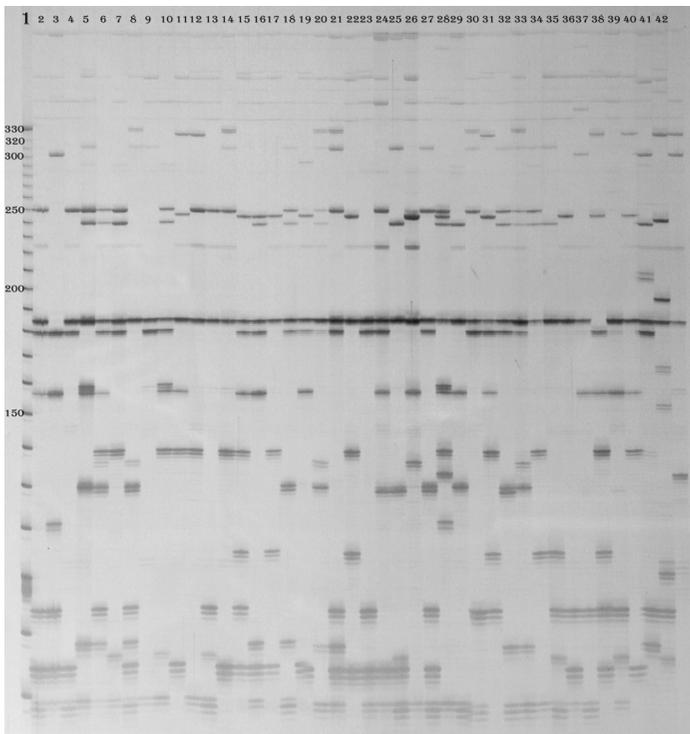


Рис.1. Профайлинг сортов сирени обыкновенной по методике транспозон-дисплея: 1 — маркер длин, 2–42 — различные сорта сирени

Ранее нами было установлено наличие транспозонов группы TУ-1 *coria like* у сирени обыкновенной (1). По результатам работы с 7 возможными комбинациями праймеров были получены фрагменты, которые соответствовали теоретически ожидаемым длинам. С использованием методики *genome walking* были получены последовательности фрагментов ретротранспозонов, а затем и полные последовательности ретроэлементов.

На фоне практически полного отсутствия генетических маркеров сирени обыкновенной, весьма сложно изучать биоразнообразие этого растения и имеющиеся родственные связи. С целью создания эффективной системы различения сортов сирени обыкновенной, на основе полученных нами последовательностей ретротранспозонов был реализован метод транспозон-дисплея (2).

Материалы и методы

В исследование взяли 138 сортов сирени обыкновенной из коллекции Главного Ботанического Сада Академии Наук. Сбор проводили в фазу цветения. ДНК экстрагировали по методике СТАВ-саркозил-бисульфат.

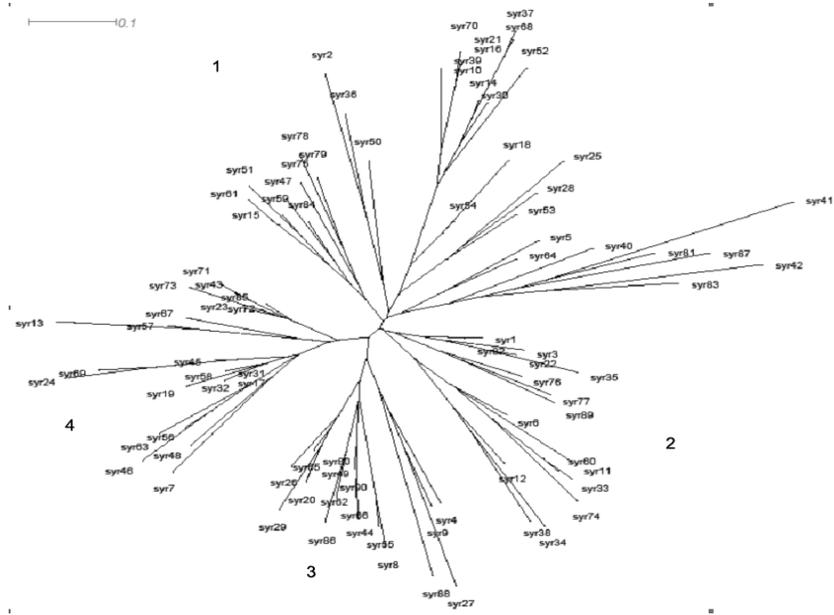


Рис. 2. Результаты кластеризации по методу транспозон-дисплея на 87 сортах сирени обыкновенной: syr 1–87 — различные сорта сирени обыкновенной

Транспозон-дисплей проводили, как было описано ранее (2). Анализ результатов транспозон-дисплея включал в себя составление таблицы, в которую были занесены имеющиеся у каждого сорта уникальные фрагменты, представленные полосами на электрофореграмме. Оценка проводилась по 32 специфичным фрагментам. На основе данных таблицы была построена дендрограмма. Для построения дендрограммы сортов использовали программу *spliatstree* 4.10.

Результаты и обсуждение

В ходе работы были впервые получены последовательности 2-х различных ретротранспозонов сирени (рис. 1). На основе полученных последовательностей были разработаны транспозон-специфичные праймеры и реализован метод транспозон-дисплея для оценки сортоспецифичных мест интеграции на 87 сортах сирени обыкновенной.

Полученные результаты показали существующие различия в сайтах интеграции ретротранспозона группы TY-1 *coria* like у данных сортов сирени. Было выделено 32 полиморфных фрагмента. По результатам анализа 32 фрагментов была составлена матрица, данные которой позволили провести кластеризацию по методу транспозон-дисплея (рис. 2)

Выводы

Получены последовательности 2-х ретротранспозонов сирени обыкновенной (включая концевые LTR). Последовательности ретротранспозонов

использованы для проведения транспозон-дисплея, обнаружены 32 предполагаемых полиморфных сайта интеграции ретротранспозонов в геном сирени обыкновенной.

Литература

1. Борхерт Е.В., Кудрявцев А.М., Окунева И.Б., Ребриков Д.В. Ретротранспозоны TY-1 *coria like* у сирени обыкновенной (*Syringa vulgaris* L.) // Алушта, 2009, том 7, с. 5–6.
2. Kononov F.A., Goncharov N.P., Goryunova S., Shaturova A., Proshlyakova T. and Kudryavtsev A. Molecular markers based on LTR retrotransposons BARE-1 and Jeli uncover different strata of evolutionary relationships in diploid wheats // *Molecular Genetics and Genomics*. 2010 in press.
3. Лунева З.С., Михайлов Е.А., Судакова Е.А. Сирень // Москва: Агропромиздат, 1989.— 256 с.
4. Мельникова Н.В., Борхерт Е.В., Мартынов С.П., Окунева И.Б., Молканова О.И., Уелниек В.П., Кудрявцев А.М. Использование молекулярно-генетических маркеров для верификации коллекций *in vitro* сирени обыкновенной (*Syringa vulgaris* L.) // Москва: Генетика, 2009, том 45, №1, с. 97–103.
5. Shagin D.A., Lukyanov K.A., Vagner L.L., Matz M.V. Regulation of average length of complex PCR product // *Nucleic Acids Research*, 1999, vol.27, №18.
6. Matz M., Shagin D., Bogdanova E., Britanova O., Lukyanov S., Diatchenko L., Chenchik A. Amplification of DNA ends based on template-switching effect and step-out PCR // *Nucleic Acids Research*, 1999, vol.27, №6, p. 1558–1560.
7. Schulman A. H., P. K. Gupta and R.K. Varshney. Organization of retrotransposons and microsatellites in cereal genomes. *Cereal Genomics*, 83–118. 2004 Kluwer Academic Publishers.

Резюме

Методика транспозон-дисплея была выполнена на сирени обыкновенной. На основе полученных данных показано наличие полиморфных фрагментов предположительно, полиморфных сайтов интеграции ретротранспозонов в геноме сирени для ряда сортов.

Була випробувана методика транспозон-дисплею на бузку звичайному. На основі отриманих даних показана різниця між рядом сортів. Побудована дендрограма дозволила розділити сорти бузку, які брали участь в експерименті на 4 групи.

The transposon display technique has been tested for lilacs ordinary. On the basis of the received data distinction between a number of grades is shown.

ВОЛКОВА Н.Е., ФИЛИПОНЕНКО Н.С., ГРИГОРЬЕВ Д.С., ВОРОБЬЁВА Л.И.
Харьковский национальный университет имени В.Н. Каразина,
Украина, 61077, Харьков, пл. Свободы 4, e-mail: volkova_natalya@bk.ru

ГЕТЕРОГЕННОСТЬ ПОПУЛЯЦИЙ *DROSOPHILA MELANOGASTER* УКРАИНЫ ПО НЕКОТОРЫМ ПОВЕДЕНЧЕСКИМ ПРИЗНАКАМ

Существенное влияние на структуру популяции оказывают факторы внешней среды; их сочетанное действие и, особенно, резкие изменения (например, природные и техногенные катастрофы) могут приводить к неожиданным биологическим эффектам [1]. Следствием техногенного пресса,