

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ**  
**БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ**  
**БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ**  
**Кафедра генетики**

**ШИНКАРЕНКО**  
Виктория Сергеевна

**ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА  
СОРТОВ *AVENA SATIVA L.*, ОБРАЗЦОВ *AVENA STERILIS L.*  
И ИХ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ  
ЛОКУСАМ**

**Аннотация  
к дипломной работе**

**Научный руководитель:  
кандидат биологических наук,  
доцент Е.А. Сычева**

**Минск, 2018**

## РЕФЕРАТ

Дипломная работа с 49., рис. 2, форм.4, табл. 10, источников 43.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА СОРТОВ AVENA SATIVA L., ОБРАЗЦОВ AVENA STERILIS L. И ИХ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ.

**Ключевые слова:** *Avena sativa* L., овес посевной, *Avena sterilis* L., микросателлитный анализ, SSR-маркер, генетический полиморфизм, индекс полиморфизма (PIC).

**Объект исследования:** образцы семян 10 сортов овса посевного белорусской селекции, 5 сортов иностранной селекции, а также 12 образцов *Avena sterilis* L., полученных из мировой коллекции ВИР, и 4 межвидовых гибридов *A.sativa* L. x *A.sterilis* L.

**Цель:** оценить генетическое разнообразие коллекции сортов *Avena sativa* L., образцов *Avena sterilis* L., и межвидовых гибридов *A.sativa* × *A.sterilis* с помощью молекулярно-генетических методов.

**Методы исследования:** молекулярно-генетические (выделение и очистка ДНК, постановка полимеразной цепной реакции, разделение продуктов реакции с помощью гель-электрофореза, фрагментный анализ), статистические.

В результате исследования была сформирована рабочая коллекция генотипов овса, включающая 15 сортов *A.sativa* L., 12 образцов *A.sterilis* L. и 4 межвидовых гибрида *A.sativa* L. x *A.sterilis* L. Осужден подбор SSR маркеров для исследования полиморфизма включенных в рабочую коллекцию генотипов овса и оптимизированы условия проведения полимеразной цепной реакции с соответствующими праймерами. В ходе SSR-анализа выявлено от 2 до 10 аллелей на исследованные локусы. Максимальное количество аллелей (10) обнаружено в локусе AM7. Высоким уровнем полиморфизма характеризуются также локусы AM1, AM3, AM4 и AM22. Наименьшее количество аллелей (2) обнаружено в локусе AM5.

Локусы AM1, AM3, AM4, AM7 и AM22 являются высокоинформативными ( $PIC > 0,5$ ), что позволяет рекомендовать данные SSR-маркеры для дифференциации генетически близких генотипов овса.

В то время, как локус AM5, характеризовался невысоким полиморфизмом ( $PIC$  равен 0,2) и минимальным числом аллелей, что делает его использование для изучения генетического разнообразия малоинформационным

## РЭФЕРАТ

Дыпломная праца с. 49, формулы 4, мал. 2, табл. 10, крыніц 43.

ВЫВУЧЭННЕ ГЕНЕТЫЧНАГА ПАЛІМАРФІЗМУ ГАТУНКАЎ *AVENA SATIVA* L., УЗОРАЎ *AVENA STERILIS* L. И IX МІЖВІДАВЫХ ГІБРЫДАЎ ПА МІКРАСАТЕЛІТНЫМ ЛОКУСАМ.

**Ключавыя слова:** *A.sativa* L., авёс пасяўной, *A.sterilis* L., мікрасателітны анализ, SSR-маркер, генетычны палімарфізм, індэкс палімарфізму (PIC).

**Аб'ект даследавання:** Насенне 10 гатункаў аўса пасяўнога беларускай селекцыі, 5 гатункаў замежнай селекцыі, а таксама 12 узораў *Avena sterilis* L., атрыманых з сусветнай калекцыі BIP і 4 міжвідавых гібрыдаў *A.sativa* L. x *A.sterilis* L.

**Мэта:** Ацаніць генетычную разнастайнасць калекцыі гатункаў *A.sativa* L., узораў *A.sterilis* L. і міжвідавых гібрыдаў *A.sativa* × *A.sterilis* з дапамогай малекулярна-генетычных метадаў.

**Метады даследавання:** малекулярна-генетычныя (выдзяленне і ачыстка ДНК, пастаноўка палімеразнай ланцуговай рэакцыі, падзел прадуктаў рэакцыі з дапамогай гель-электрафарэзу, фрагментны анализ, статыстычныя).

У выніку праведзенага даследавання была сфарміравана рабочая калекцыя генатыпаў аўса, якая ўключае 15 гатункаў *A.sativa* L., 12 узораў *A.sterilis* L. і 4 міжвідавых гібрыда *A.sativa* L. x *A.sterilis* L.

Здзейснены падбор SSR-маркераў для даследавання палімарфізму уключаных у рабочую калекцыю генатыпаў аўса, а таксама аптымізаваны ўмовы правядзення палімеразнай ланцуговай рэакцыі з адпаведнымі праймермі.

У ходзе SSR-аналізу выяўлена ад 2 да 10 алеляў на даследаваныя локусы. Максімальная колькасць алеляў (10) выяўлена ў локусе AM7. Высокім узроўнем палімарфізма характарызуюцца таксама локусы AM1, AM3, AM4 і AM22. Найменшая колькасць алеляў (2) выяўлена ў локусе AM5.

Локусы AM1, AM3, AM4, AM7 і AM22 з'яўляюцца высока інфарматыўнымі ( $PIC > 0,5$ ), гэта дазваляе нам рекамендаваць дадзеныя SSR-маркеры для дыферэнцыяцыі генетычна блізкіх генатыпаў аўса.

У той час, як локус AM5, характарызуваецца невысокім палімарфізмам ( $PIC$  роўны 0,2) і мінімальным лікам алелей, што робіць яго выкарыстанне для вывучэння генетычнай разнастайнасці малайнфарматыўным.

## ABSTRACT

Thesis p. 49, form. 4, tables 10, sources 44

STUDY OF THE GENETIC POLYMORPHISM OF VARIETIES AVENA SATIVA L., SAMPLES OF AVENA STERILIS L. AND THEIR INTERSPECIFIC HYBRIDS WITHIN SSR LOCUS.

**Keywords:** *Avena sativa* L., DNA polymorphism, molecular markers, SSR, PIC.

**Object of study:** samples of seeds of 10 varieties of *A.sativa* L., of sowing Belarusian selection, 5 varieties of foreign selection, as well as 12 samples of *A.sterilis* L., obtained from the world collection of VIR and 4 interspecies hybrids *A.sativa* L. x *A.sterilis* L.

**Objective:** to estimate a genetic variety of a collection of grades of *Avena sativa* L., samples of *Avena sterilis* L., and trans-species hybrids of *A.sativa* L. × *A.sterilis* L., by means of molecular and genetic methods.

**Methods:** molecular-genetics (DNA isolation, polymerase chain reaction, separation and analysis of DNA sequence reaction products by gel electrophoresis, detection of alleles and determination of their sizes by fragment analysis), statistical.

**Results:** The working collection of genotypes of oats including 15 grades of *A.sativa* L., 12 samples of *A.sterilis* L., and the 4 trans-species hybrid of *A.sativa* L. x *A.sterilis* L., has been created.

Selection of SSR-markers for the research of polymorphism of the oats genotypes included in a working collection has been carried out and also conditions of carrying out polymerase chain reaction with the corresponding primers have been optimized.

During the SSR-analysis from 2 to 10 alleles were detected on the examined loci. The maximum number of alleles (10) is found in the locus AM7. The loci AM1, AM3, AM4 and AM22 are also characterized by high polymorphism. The smallest number of alleles (2) was found in the locus AM5.

The loci AM1, AM3, AM4, AM7 and AM22 are highly informative (PIC > 0.5), which allows us to recommend the data of SSR-markers for differentiation of genetically related genotypes of oats.

While the AM5 locus were characterized by low polymorphism (PIC is 0.2) and the minimum number of alleles, which makes its use for studying of a genetic diversity less informative.