

использовали в качестве вида-посредника (bridge species) – источника геномов пшеницы и ингибитора S-РНК-аз несовместимости ржи, что позволяет преодолеть одностороннюю прогамную несовместимость ржи с пшеницей. Основу рекомбинационного потенциала секалотритикум рассматривали как максимальное сохранение генотипической специфичности гибридов  $F_1$  и гетерогенности геномов ржи различного происхождения при однократном беккроссе. Эффект «нормализации мейоза» обуславливает у ржано-тритикальных пентаплоидных гибридов  $F_1$  ( $^S$ RRABR,  $5x = 35$ ) формирование в условиях ржаного типа цитоплазмы полнофункциональных гамет с различным хромосомным составом за счет наличия базового RR-генома. Формирование, в том числе, частично нередуцированных RAB-гамет ( $3x = 21$ ), позволяет выделять стабильные линии секалотритикум уже в  $F_1$ BC<sub>1</sub>-поколении ( $^S$ RABR{RAB},  $5x - 7x = 35 - 49$ ). Исследовали цитогенетические особенности мейоза у секалотритикум, определяемые типом цитоплазмы и цитогенетическими факторами, наследуемыми от генотипов ржано-тритикальных гибридов  $F_1$ . Цитологическая стабилизация первичных секалотритикум происходит к 5-7 генерации, их рекомбинационная селекция наиболее эффективна на базе ржаного типа цитоплазмы.

### **Исследование генетического полиморфизма сортов *Avena sativa* L. и образцов *Avena sterilis* L. и их гибридных форм с использованием SSR-маркеров**

**Дробот Н. И.\*, Шинкаренко В.С.**

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Республика Беларусь, 220027, г. Минск, ул. Академическая, 27. \*E-mail: n.drobot@igc.by

Овес посевной (*Avena sativa* L.) является одной из важнейших зерновых и фуражных культур в мире. Основным направлением современной селекции овса является создание высокопродуктивных устойчивых к болезням сортов. Богатым источником такой устойчивости являются дикорастущие сородичи овса. В наших исследованиях в качестве донора устойчивости к листовым болезням использован гексаплоидный вид *Avena sterilis* L. Цель: Оценить уровень генетического полиморфизма сортов *Avena sativa* и образцов *Avena sterilis*, а также полученных на их основе отдаленных гибридов. Методы исследования: Материалом для исследования послужили 15 сортов *Avena sativa* белорусской и иностранной селекции, 12 образцов *Avena sterilis* и 4 гибридные формы. Выделение ДНК осуществляли с помощью набора «Plant DNA Preparation Kit» (Jena Bioscience). Определение генетического полиморфизма рабочей коллекции осуществляли при помощи стандартного фрагментного анализа (ABI 3500) с использованием SSR-маркеров: AM1, AM3, AM4, AM5, AM7, AM15, AM22, AM83. Результаты: В ходе генотипирования коллекции было выявлено 54 аллеля в 8 SSR-локусах, количество аллелей ранжировалось от 2 до 10. В ходе проведенного исследования наиболее высокий уровень полиморфизма был отмечен для маркеров AM7, AM22, AM1 и AM3 (PIC равен 0,87; 0,82; 0,88 и 0,89 соответственно), что позволяет рекомендовать данные SSR-маркеры для включения в селекционный процесс, а также для дифференциации генетически близких генотипов овса. В то же время маркеры AM5, AM15, AM83 характеризовались низким уровнем полиморфизма (PIC составил 0,2; 0,57 и 0,58) и минимальным количеством аллелей, что делает их использование малоинформативным.