

Хромосомная инженерия в селекции зерновых злаковых культур

Дубовец Н.И.*, Сычева Е.А.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

*Email: N.I.Dubovets@igc.by

Интенсивная селекция на повышение продуктивности зерновых культур с применением современных научно обоснованных подходов привела к замене сортов, основанных на комбинировании множества различных генотипов, генетически однородными сортами. Как следствие этого, значительный резерв генетической изменчивости был утерян, и возможности дальнейшего улучшения урожайности и качества традиционными методами оказались в значительной степени лимитированными. Кроме того, генетическая эрозия спровоцировала резкое снижение устойчивости сортов к воздействиям биотических и абиотических стрессовых факторов. Выход из ситуации видится в восстановлении и обогащении утерянного генофонда, причем большие надежды в этом плане возлагаются на хромосомную инженерию. На настоящий момент наибольшее применение хромосомные технологии нашли в генетико-селекционных программах по зерновым культурам. В сообщении представлены результаты экспериментов по реконструкции кариотипа гексаплоидных тритикале и мягкой пшеницы. В качестве источника для улучшения тритикале использован генный пул D-генома *Triticum aestivum* L., тогда как в программе по пшенице нашла применение гибридизация с рожью *Secale cereale* L. Изложены закономерности стабилизации геномов с интрогрессиями чужеродного хроматина, а также данные о влиянии D(A)- и D(B)-замещений хромосом у тритикале и R(A)-, R(B)- и R(D)-замещений хромосом у мягкой пшеницы на формирование ряда важных с селекционной точки зрения признаков. Обсуждаются возможности и перспективы использования хромосомно-инженерных методов в селекции тритикале и пшеницы на повышение устойчивости и качества зерна.

Физиолого-биохимическая характеристика межродовых гибридов житняка (*Agropyron cristatum*) с райграсом пастбищным (*Lolium perenne*) с использованием геномной и клеточной биотехнологии

Кондрацкая И.П.^{1*}, Юхимук А.Н.¹, Чижик О.В.¹, Столепченко В.А.²,
Беляй М.О.², Васько П.П.², Решетников В.Н.¹

¹ ГНУ «Центральный ботанический сад НАН Беларуси», Минск, Беларусь

*Email: ikondratskaya@mail.ru

² РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», Жодино, Беларусь

В результате комплексной оценки созданных форм межродовых гибридов житняка (*Agropyron cristatum*) с райграсом пастбищным (*Lolium perenne*) отобраны морфотипы с высокой продуктивностью, что позволило сформировать сортопопуляции житняка с содержанием сухого вещества свыше 0,8 кг/м² за вегетацию (сортообразцы № 8, 10 и 13). Проведение учетов нарастания надземной массы растениями житняка в течение вегетации показало, что сортообразцом №8 накоплено 353 ц/га зеленой массы, №10 – 355,2 ц/га и №13 – 340,3 ц/га. В течение всей вегетации происходит образование генеративных побегов с максимальным количеством в первом укосе (380-420 шт./м²) и снижение этого показателя в последующих укосах. Показатель облиственности в одновидовых посевах житняка

увеличивался у всех изучаемых сортообразцов от начала к концу вегетации. Количественный анализ общих белков показал наибольшее содержание белка (мкг/мл) в сортообразце №13 во всех укосах. Для проведения молекулярно-генетической паспортизации исследуемых таксонов были отобраны праймеры, обладающие достаточным полиморфизмом и имеющие воспроизводимую амплификационную активность. 4 RAPD-праймера и 7 ISSR-праймеров. Для сортообразцов рода житняк было идентифицировано 157 локусов (ДНК-маркеров) - 52 для RAPD-ПЦР и 105 для ISSR-ПЦР, соответственно. Для каждого праймера был рассчитан показатель R_p, отражающий разрешающую способность праймера. Обе ПЦР техники позволили выявить достаточный уровень полиморфизма у исследуемых сортообразцов рода житняк (*Agropyron cristatum*) - в среднем 66,24%. Максимальный полиморфизм выявлен при использовании праймеров UBC-807 и UBC-808 (80,00%), минимальный - 42,86% при использовании праймера UBC-836. На основании полученных мультилокусных RAPD/ISSR-спектров для исследованных образцов составлены генетические паспорта. На основе интрогрессивной гибридизации, дупликации генома и с использованием геномной и клеточной биотехнологий создан качественно новый исходный материал житняка, обладающий высокой зимостойкостью, засухоустойчивостью, долголетием, интенсивным формированием наземной массы в начале вегетации по сравнению с райграсом пастбищным. Включение новой культуры в селекционный процесс позволит создать сорта житняка, обеспечивающие формирование продуктивных раннеспелых травостоев в условиях Республики Беларусь. Новый вид многолетних злаковых трав впервые будет внедрен в сельскохозяйственное производство республики.

Молекулярно-генетическая диагностика микобиоты фитофагов многолетних цветочных растений

**Пантелеев С.В.^{А*}, Константинов А.В.^А, Головченко Л.А.^Б, Тимофеева В.А.^Б,
Дишук Н.Г.^Б, Падутов В.Е.^А**

^АИнститут леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь. *Email: pukidesu@gmail.com

^БЦентральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск, Беларусь

Целью работы являлась молекулярно-генетическая диагностика видового состава микобиоты фитофагов многолетних цветочных растений. Объектами исследований явились вредители многолетних цветочных растений и их грибная микрофлора. Экспериментальный растительный материал для анализа был собран на урбанизированных территориях, питомниках ГНУ «ЦБС НАН Беларуси», а также приобретен в цветочной торговой сети г. Гомеля. В общей сложности было проанализировано более 50 образцов вредителей и около 100 образцов растений. Выделение тотальной ДНК из смывов с внешних покровов фитофагов (70% этанол, СТАВ) и их пищеварительной системы проводилось с использованием модифицированного СТАВ-метода. Для видовой идентификации выявленных фитофагов применялись праймеры LCO-1490/HCO-2198 (Folmer et al., 1994) (фрагмент гена COI мтДНК) и LR-J-13017/LR-N-13398 (Simon et al., 1995) (фрагмент гена 16S рРНК мтДНК). Диагностика грибной микрофлоры фитофагов проводилась с использованием праймеров ITS1F (Gardes & Bruns, 1993) и ITS4 (White et al., 1990). Секвенирование полученных ампликонов осуществлялось на базе генетического анализатора ABI Prism 310 (ThermoFisher, США). Видовая идентификация