

СЕКЦИЯ «БИОРАЗНООБРАЗИЕ»

СКРИНИНГ ОБРАЗЦОВ КОЛЛЕКЦИИ ЛЮПИНА УЗКОЛИСТНОГО НА УСТОЙЧИВОСТЬ К СОЛЕВОМУ СТРЕССУ

Т. А. АНТОНОВИЧ (студ. 6 к.), М. П. КУНИЦКАЯ, В. С. АНОХИНА, БГУ

Проблематика. Среди многочисленных стрессовых факторов среды одним из наиболее важных является солевой стресс. Засоленные почвы занимают около 30% поверхности суши. В последние годы эта проблема стала актуальной и для Беларуси в связи с засолением почв Солигорского района в процессе производства калийных удобрений на ПО «Беларуськалий». В связи с этим актуальным и необходимым является поиск и выделение устойчивых к засолению растений, пригодных для рекультивации засоленных почв.

Цель работы. Изучение устойчивости образцов коллекции люпина узколистного к засолению.

Объект исследования. В работе были использованы 16 образцов люпина узколистного.

Использованные методики. Оценка устойчивости растений проводили с использованием метода проростков при уровнях засоления 7 и 9 атм., контролем служила дистиллированная вода. В эксперименте учитывали всхожесть семян и длину корешков проростков. Статистическую обработку полученных результатов проводили с помощью методов вариационной статистики и корреляционного анализа.

Научная новизна. Проведена оценка образцов коллекции люпина узколистного на устойчивость к солевому стрессу и выделены контрастные по этому признаку формы.

Полученные научные результаты и выводы. Отмечена положительная корреляция (0,67-0,82) между устойчивостью образцов к анализируемому фактору при разных уровнях засоления (7 и 9 атм.) на разных стадиях развития растений. Выявлен оптимальный дифференцирующий уровень засоления для определения устойчивости образцов люпина узколистного к засолению (7 атм.). Показано, что большинство (81,5%) проанализированных образцов люпина узколистного относятся к группам средне и слабоустойчивых, 12,5 % - неустойчивы к засолению и 6,25% - устойчивы на стадии прорастания семян и роста растений.

Практическое применение полученных результатов. Выделенные устойчивые (Зничка) и среднеустойчивые (Купала, Немчиновский 846, Люда 2) образцы могут быть рекомендованы для производственного испытания в регионах с засолением почв.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ЛОКАЛЬНЫХ ИЗОЛЯТОВ *VENTURIA UNAEQUALIS*

Е. В. ЖЕЛЕЗНЯКОВА (студ. 5 к.), Е. В. КУЛИК, БГУ

Проблематика. Ежегодное эпифитотийное развитие фитопатогенного гриба *Venturia inaequalis* (Coock.) Wint., возбудителя парши яблони, обуславливает не только снижение урожая, но и ухудшение его качества. Для разработки стратегий борьбы с *V. inaequalis* необходимы молекулярно-биологические исследования патогена, которые ранее в Республике Беларусь не проводились.

Цель работы. Выявить генетическое разнообразие изолятов *V. inaequalis*, локально произрастающих на территории Брестской области, с использованием полиморфизма рДНК.

Объект исследования. Фитопатогенный гриб *V. inaequalis*, выделенный с листьев и плодов яблонь, произрастающих в садах Брестской области.

Использованные методики. Полимеразная цепная реакция с использованием универсальных праймеров ITS4 и ITS5.

Научная новизна. Генетические вариации регионов генома патогена, не попадающих под действие селекционного давления, детально не изучены. Молекулярно-биологическое исследование генов рДНК представляет интерес для установления внутри- и межвидовых связей. Структурные аспекты рДНК могут отражать экологию и эволюцию гриба.

Полученные научные результаты и выводы. В результате амплификации области ITS1-5,8S-ITS2 рДНК установлено, что одиннадцать изолятов имеют размер исследуемого участка рДНК около 600 п.н. и только один – около 900 п.н.. Выявлено, что девять штаммов с размером амплифицированной области рДНК около 600 п.н. характеризуются определенным одинаковым характером расщепления ампликона с использованием рестриктазы *EcoRI*. В то время как два остальных изолята из этой группы не имеют нуклеотидной последовательности в амплифицированной области, распознаваемой данным рестрикционным ферментом. Полученные результаты указывают на генетическую неоднородность локально произрастающих изолятов *V. inaequalis*.

Практическое применение полученных результатов. Полученные результаты свидетельствуют о возможном использовании области ITS1-5,8S-ITS2 рДНК для дополнительной оценки филогенетического родства между различными штаммами *V. inaequalis*. Выявленные генетические группы патогена на основании полиморфизма рДНК, а также соответствующие каждой группе сведения об особенностях развития, способности к заражению растения-хозяина, генах вирулентности открывают перспективы для установления контроля над заболеванием.