

ность характерна для водных и спиртовых экстрактов. Минимальная – при экстракции ацетоном и ацетонитрилом. Для экстрактов на основе гексана не обнаружено антирадикальной активности. Показано также, что активность экстрактов листьев и корней отличается незначительно.

Была проведена также серия экспериментов по определению антирадикальной активности экстрактов, полученных из каллусной и суспензионной культур барвинка малого. В результате было установлено, что максимальной антирадикальной активностью характеризовались экстракты, полученные из каллусных тканей, культивируемых на свету. При этом следует отметить, что индекс роста был в 1,5-2 раза выше у гетеротрофных каллусов по сравнению с фотомиксотрофной культурой. При культивировании каллусов и на свету, и в темноте варьировали содержание НУК и кинетина в питательных средах. Статистически значимых различий антирадикальной активности экстрактов, полученных из культур, выращенных на средах с различным содержанием фитогормонов, обнаружено не было. Антирадикальная активность экстрактов гетеротрофных суспензионных культур была наименьшей из всех исследованных вариантов.

1. Джус М. А., Молчан О. В., Кухарева Л. В., Спиридович Е. В., Юрин В. М. Род *Vinca* L. (*Aposynaceae*) во флоре Беларуси // Укр. Бот. Ж. Т. 66. № 6. 2009. С. 783–793.

2. Молчан О. В., Ромашко С. Н., Власова Т. М., Курченко В. П., Юрин В. М. Идентификация фармакологически активных веществ в экстрактах листьев барвинка малого (*Vinca minor* L.). // Труды БГУ. 2008. Т. 3. Ч. 1. С. 221–227.

3. Murashige T., Scoog M. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissues cultures. // *Physiol. Plant.* 1962. V.15. № 3. P. 473-482.

#### **ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КОЛЛЕКЦИИ *BRASSICA OLERACEA* L. VAR. *CAPITATA* L. F. *ALBA* DC.**

Печковская Т. В.<sup>1</sup>, Шаптуренко М. Н.<sup>1</sup>, Якимович А. В.<sup>2</sup>, Забара Ю. М.<sup>2</sup>, Хотылёва Л. В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, г. Минск  
jagar12@mail.ru

<sup>2</sup> Институт овощеводства, п. Самохваловичи

Капуста белокочанная, относящаяся к амфидиплоидным представителям рода *Brassica* с геномом СС (2n=18), является важной сельскохозяйственной культурой. Для совершенствования ее селекции необходи-

мо привлечение методов молекулярно-генетического анализа, которые позволяют проводить идентификацию желаемого генетического материала и эффективный подбор компонентов гибридизации. Одним из наиболее простых и эффективных для типирования генотипов является SSR (Simple Sequence Repeats) подход, поскольку является специфичным, кодоминантным и характеризуется высокой воспроизводимостью при анализе аллельных вариантов микросателлитных локусов ДНК, т.е. наиболее варибельной части генома. С использованием микросателлитного анализа проводится изучение генетического разнообразия [1, 4, 5], типирование генотипов [2, 3] и др.

Целью настоящей работы явилось изучение уровня генетической гетерогенности капусты белокочанной для повышения эффективности ее селекции.

Для реализации поставленной цели на основе SSR-анализа ДНК-полиморфизма изучали образцы базовой коллекции капусты белокочанной различного эколого-географического происхождения: L 251, L 661, Ark, Gr, Alf, P19, Rot, Sem, Sul, Rok, Khal, Uver, Gran, L 962, L 860, L 783, L 728, L 583, L 580, L 578, L 577, L 576, L 575, L 574, L 573, L 407 и L 264.

Выделение тотальной ДНК проводили из этиолированных 7-дневных проростков с использованием DNA Purification Kit («Fermentas»). Для микросателлитного анализа использовали праймеры, отобранные как полиморфные для капусты белокочанной [3, 5]: BoDEL9, BoDCTD1, BoPC15, BoIAB15TF, BoIAB20TR и BoAP1. Амплификацию проводили в стандартном режиме. Фрагментный анализ аллельного состава SSR-локусов осуществляли в высокоточном многоканальном генетическом анализаторе «Applied Biosystems» с программным обеспечением Gene Mapper (vers. 4.1). Расчет генетических дистанций (GD) и кластеризацию образцов проводили с помощью программы STATISTICA 7.

При проведении исследования рассмотрено 46 микросателлитных фрагментов, 43 из которых оказались полиморфными, в том числе 9 уникальных. Выявленный уровень полиморфизма составил 93,5%. Наибольшее число уникальных фрагментов обнаружено при использовании праймеров BoDEL9 и BoIAB20TR. Анализ связи между общим количеством фрагментов на локус и числом уникальных фрагментов достоверных различий не обнаружил. На основе полученных данных образцы капусты белокочанной сгруппированы методом UPGMA в два полиморфных кластера с одной внешней ветвью. Первый кластер включал: L 251, Rot, Sem, Sul, Ark, Khal, Uver, L 728, L 578, L 576, L 575, L 574, L 573, L 407 и L 264, второй – L 661, Alf, P19, Rok, Gran, L 962, L 860, L 783, L 583, L 580 и L 577. Уровень внутрикластерной дивергенции дос-

тигал 39% и 41%, для I и II кластеров соответственно. По данным проведенного анализа различий между образцами Rot и Khal не обнаружено. Селекционный образец Gg оказался наиболее дивергентным, поскольку характеризовался наличием наибольшего числа уникальных SSR-локусов и при кластеризации выделился отдельной ветвью, что позволяет рекомендовать его использование в селекции для поддержания высокого генетического разнообразия.

В результате выполненного микросателлитного анализа для экспериментальных образцов данной коллекции капусты белокочанной установлены специфичные наборы SSR-локусов, которые могут служить не только основой формул паспортизации, но также позволяют контролировать наследование генетического материала на каждом этапе селекции.

Таким образом, микросателлитный анализ позволил дифференцировать образцы капусты белокочанной по уровню генетических различий, обеспечив альтернативную оценку генетического разнообразия наряду с традиционными селекционными подходами.

1. Артемьева А. М., Соловьева А. Е., Чесноков Ю. В. Генетическое разнообразие русских сортов белокочанной капусты // С.-х. биол. 2006. № 5. С. 53-61.
2. Liu L., Liu G., Gong Y. Evaluation of genetic purity of F1 hybrid seeds in cabbage with RAPD, ISSR, SRAP, and SSR markers // HortScience. 2007. Vol. 42. P. 724-727.
3. Louarn S., Torp A. M., Holme I. B., Andersen S. B., Jensen B. D. Database derived microsatellite markers (SSRs) for cultivar differentiation in Brassica oleracea L. // Genet. Resour. Crop Evol. 2007. Vol. 54. P. 1717-1725.
4. Saxena Bh., Kaur R., Bhardwaj S. V. Assessment of genetic diversity in cabbage cultivars using RAPD and SSR markers // J. Crop Sci. Biotech. 2011. Vol. 14. P. 191-196.
5. Tonguc M., Griffiths Ph. D. Genetic relationships of Brassica vegetables determined using database derived simple sequence repeats // Euphytica. 2004. Vol. 137. P. 193-201.

#### **ОРГАН- И ВОЗРАСТ- СПЕЦИФИЧЕСКОЕ СОДЕРЖАНИЕ ТРИПТАМИНА В *CATHARANTHUS ROSEUS* (L.) G. DON**

Ромашко С. Н., Жуковская Е. В.

Белорусский государственный университет, Минск  
svetlan\_rom@mail.ru

*Catharanthus roseus* является вечнозеленым многолетним полукустарником или травянистым прямостоячим растением, принадлежащим к семейству *Aporocynaceae*. В данном растении содержатся такие фармакологически ценные вещества, как терпеновые индолные алкалоиды