

УДК 631.523:633.39

ISSR-АНАЛИЗ КОЛЛЕКЦИОННЫХ ОБРАЗЦОВ АМАРАНТА (*AMARANTHUS L.*)

С.В. ЛИМАНСКАЯ

Харьковский национальный аграрный университет им. В.В. Докучаева
Украина, 62483, Харьковская обл., Харьковский р-н, п/о «Коммунист-1»
e-mail: svetik_svg@mail.ru

Цель. Изучить генетическое разнообразие коллекции амаранта. **Методы.** Использован ISSR-анализ. **Результаты.** Выявлен высокий полиморфизм (81,9%) коллекции амаранта. Детектировано 84 фрагмента ДНК, среди них 12 были мономорфные и 6 – уникальные. Рассчитаны генетические дистанции Nei и Li , значения которых варьировали в диапазоне от 0,00181 до 0,011312. Проведен кластерный анализ, по результатам которого образцы амаранта были распределены в 3 кластера в соответствии с видовой принадлежностью. **Выводы.** Установлен высокий уровень генетической изменчивости изучаемого растительного материала. Подтверждена монофилетическая гипотеза происхождения зерновых видов амаранта, отмечена их незначительная филогенетическая дивергенция. Идентифицированы уникальные локусы, которые могут быть использованы как генетические маркеры определенных образцов амаранта.

Ключевые слова: амарант, ISSR, полиморфизм, филогенетическая дивергенция.

Введение. В последние десятилетия внимание ученых привлекает малораспространенная в агропромышленном комплексе культура амаранта (*Amaranthus L.*). Благодаря уникальному химическому составу листьев, семян и получаемого из них масла некоторые виды рода *Amaranthus* нашли широкое применение в пищевой, фармацевтической, косметической промышленности, а также в кормопроизводстве [1–4]. В связи с этим возникает необходимость создания сортов по вышеперечисленным направлениям использования. Однако селекционный процесс амаранта осложняется смешанной системой опыления [5], а также скрытой изменчивостью его генома [6]. Поэтому для данной культуры важным является применение методов, позволяющих идентифицировать растительный материал, контролировать генетическую изменчивость, изучать генетическую структуру и филогенетические взаимоотношения между видами рода *Amaranthus*.

Решить поставленные проблемы можно, используя различные ДНК-маркеры, основанные на ПЦР (RAPD, SSR, ISSR, AFLP и другие) [7, 8]. Интересным в данном аспекте представляется ISSR-анализ (Inter-simple-sequence-repeats), полилокусная система, для которой характерны доминантный тип наследования, относительно высокая точность и воспроизводимость результатов в сравнении с RAPD, а также меньшая себестоимость по сравнению с SSR-маркерами [9]. Геномы растений, как правило, насыщены микросателлитными повторами, что делает ISSR- метод удобным для генетического анализа и маркирования генов в селекционных и эволюционных иссле-

дованиях, а возможность анализировать сразу несколько локусов довольно выгодно при изучении генетической структуры популяций.

На сегодня известен ряд примеров успешного применения данной ДНК-технологии в разных селекционно-генетических программах амаранта. Так, *Xu F.* и *Sun M.* [10] использовали метод ISSR в комплексе с анализом AFLP-маркеров и ITS-мотивов внутренней транскрибируемой области 5,8S рДНК для уточнения таксономии в пределах группы зерновых амарантов (*A. hybridus L.*, *A. caudatus L.*, *A. cruentus L.*, *A. hypochondriacus L.*), а также для определения филогенетических взаимоотношений между зерновыми видами амаранта и их предполагаемыми предками. *Ray T.* и *Roy S.C.* [11], ссылаясь на результаты RAPD и ISSR-анализа, отмечают генетическую близость семейств *Amaranthaceae* и *Chenopodiaceae*. В работе [12] метод ISSR применен для оценки генетической изменчивости популяций амаранта. Автор этой статьи подчёркивает высокий уровень внутривидового полиморфизма зерновых видов культуры. *Labajova M. et al.* [13] успешно применили ISSR-технология для оценки генетической изменчивости мутантных линий амаранта.

Однако следует отметить, что проблема применения ISSR-маркеров в различных селекционно-генетических программах амаранта на сегодня разработана недостаточно. Незученными в данном аспекте остаются сорта амаранта украинской селекции. Открытым остается вопрос таксономии и филогенетических взаимоотношений различных видов рода *Amaranthus L.* в силу противоречивости данных, полученных с применением различных ДНК-маркеров и на основе анализа морфологических признаков культуры [5, 6, 10–12, 14–16]. Таким образом, данная работа представляет интерес для

дополнения знаний по генетике, филогенетике и систематике амаранта, а также для ускорения и облегчения селекционно-го процесса культуры.

Целью работы явилось изучение генетического разнообразия коллекции амаранта посредством ISSR-анализа, определение генетических дистанций и оценка генетических взаимоотношений между представителями 5 видов амаранта.

Материалы и методы

В работе использовали коллекцию амаранта, включающую 18 образцов разного эколого-географического происхождения, отнесенные к зерновым видам (*A. caudatus L.*, *A. cruentus L.*, *A. hybridus L.*, *A. hypochondriacus L.*, *A. mantegazzianus Passerini.*) (табл. 1). Образцы 00038, 00039, 00050, 00079, 00087, 00097, 00110, Багряный и Кармен предоставлены Устимовской опытной станцией Института растениеводства имени В.Я. Юрьева. Сорта Лера, Студенческий, Харьковский-1, Роганский, Вогняна кулька, Ультра созданы на кафедре генетики, селекции и семеноводства ХНАУ имени В.В. Докучаева. Коллекционные номера К-61, К-146 и К-22 получены из Всероссийского института растениеводства имени Н.И. Вавилова. Все эти образцы амаранта различаются не только по хозяйственно-ценным признакам (масса 1000 семян, длительность вегетационного периода, высота растений, содержание масла в семенах и др.), но и характеризуются разными градациями морфологических признаков (окраска семян, форма и окраска соцветия, а также листьев и др.). Используемая в настоящем исследовании коллекция вовлечена в селекционный процесс по созданию адаптивных и высокоурожайных сортов амаранта.

Выделение ДНК проводили СТАВ методом [9] из смеси 10 зрелых семян амаранта каждого образца. Полученную ДНК про-

Таблица 1. Характеристика коллекции амаранта по происхождению

№ п/п	№ каталога	Вид	Сорт	Страна происхождения
1	К-61	<i>A. hypochondriacus</i> L.	–	США
2	00110	<i>A. hybridus</i> L.	–	
3	00038	<i>A. hybridus</i> L.	–	
4	К-146	<i>A. caudatus</i> L.	–	Германия
5	00039	<i>A. hybridus</i> L.	–	
6	00050	<i>A. hypochondriacus</i> L.	–	
7	USD00001	<i>A. cruentus</i> L.	Багряный	Россия
8	00087	<i>A. caudatus</i> L.	–	
9	К-22	<i>A. hypochondriacus</i> L.	–	Индия
10	00079	<i>A. hybridus</i> L.	–	
11	00097	<i>A. hybridus</i> L.	–	
12	00005	<i>A. cruentus</i> L.	Кармен	Украина
13	–	<i>A. hypochondriacus</i> L.	Студенческий	
14	–	<i>A. mantegazzianus</i> P.	Вогняна кулька	
15	–	<i>A. hybridus</i> L.	Ультра	
16	–	<i>A. caudatus</i> L.	Роганский	
17	–	<i>A. hypochondriacus</i> L.	Лера	
18	–	<i>A. hypochondriacus</i> L.	Харьковский-1	

веряли в 1% агарозном геле в присутствии бромистого этидия. Концентрацию ДНК определяли при помощи спектрофотометра Shimadzu UVmini1240 при длине волны 260 нм.

Аmplификацию проводили с использованием наборов для ПЦР GenePak™ PCR Core (производство ООО «Лаборатория ИзоГен») с добавлением 20 нг геномной ДНК, 0,2 мкМ соответствующего праймера. Объем реакционной смеси доводили до 20 мкл растворителем, содержащимся в наборе для ПЦР. В работе было использовано 7 праймеров к межмикросателлитным последовательностям ДНК (табл. 2).

Аmplификацию проводили на термоджеле TP4-ПЦР-01-«Терцик» при следующих условиях: 1 цикл – денатурация при 94 °С – 5 мин; 40 циклов: 94 °С – 30 с, отжиг – 52 °С – 45 с, элонгация – 72 °С – 2 мин; 1 цикл – финальная элонгация, 72 °С – 7 мин. Разделение продуктов амплификации проводили методом горизон-

тального электрофореза в 2% агарозном геле в присутствии бромистого этидия. В качестве электродного и буфера геля использовали Трис-ЕДТА-боратную буферную систему – 0,09 М Трис, 0,09 М H₃BO₃, 0,0031 М ЕДТА (pH 8,3). Визуализацию спектров осуществляли при помощи трансиллюминатора TCP-20 MC с последующим фотографированием гелей. Как маркеры для определения размеров амплифицированных фрагментов использовали 1 kb DNA leader и pUC19/Msp 1.

Вычисление размера продуктов амплификации проводили при использовании демоверсии программного пакета «TotalLab TL120».

По результатам анализа были составлены бинарные матрицы по каждому праймеру, в которых отмечалось «присутствие» (+) или «отсутствие» (–) ампликонов с одинаковой молекулярной массой на электрофореграмме. Каждый ISSR-фрагмент принимали за отдельный генетический локус. Уровень полиморфизма

Таблица 2. Молекулярно-генетический полиморфизм коллекции амаранта, выявленный при ISSR-анализе

Локус	Нуклеотидная последовательность 5' – 3'	Количество выявленных локусов, шт	Уровень полиморфизма, %	Размер ампликонов, min-max, п.н.	Уникальные фрагменты ДНК,	
					образец	размер ампликонов, п.н.
iSSR 2	(CA) ₈ AG	17	94,1	298 – 2783	00039	414
ISSR 3	(CA) ₈ GG	11	90,9	367 – 1647	–	–
ISSR 810	(GA) ₈ T	3	66,7	483 – 1204	Кармен	1204
ISSR 825	(AC) ₈ T	13	84,6	366 – 3544	00039	1285; 585
ISSR 826	(AC) ₈ C	9	66,7	380 – 1387	Вогняна кулька	1317
ISSR 834	(AG) ₈ CTT	10	80,0	301 – 1277	–	–
ISSR 842	(GA) ₈ CTG	21	90,5	310 – 1635	K-146	997
Среднее значение			81,9			

по каждому праймеру определяли как часть полиморфных локусов от их общего количества на праймер, выраженную в процентах. Анализ генетического разнообразия проводили посредством вычисления генетических дистанций по Nei и Li [17]. Кластеризацию и построение дендрограммы, демонстрирующей филогенетические отношения между изученными образцами амаранта, проводили методом «ближайших соседей» (Neighbor-joining, NJ) при помощи пакета программ Phylip-3.69. Достоверность полученного дерева филогенетических взаимоотношений проверяли с помощью bootstrap-анализа в 1000-кратной повторности с использованием программы Phylip-3.69.

Результаты и обсуждение

Нами проведена оценка генетического разнообразия коллекции амаранта. ISSR-анализ позволил установить высокий уровень полиморфизма изучаемых образцов (в среднем 81,9%). Сходное значение данного показателя (~ 85%) нами отмечено ранее, при оценке генетической изменчивости 5 видов амаранта с использованием RAPD-маркеров [18]. Максимальный

полиморфизм выявлен при использовании праймера ISSR 2 (94,1%), минимальный – при использовании праймеров ISSR 810 и ISSR 826 (66,7%) (табл. 2).

Количество амплифицированных локусов с использованием разных праймеров варьировало от 3 (ISSR 810) до 21 (ISSR 842). В целом идентифицировано 84 локуса, 72 из которых полиморфные. Размер ампликонов для разных праймеров варьировал в пределах ~298–3544 п.н. Для некоторых образцов амаранта обнаружены уникальные, присущие только им, фрагменты (табл. 2). Данные ISSR-локусы могут служить маркерами конкретного образца и представляют интерес для дальнейшей генетико-селекционной работы по созданию новых сортов амаранта.

При амплификации каждого из 7 праймеров с геномной ДНК амаранта идентифицировано от 1 до 3 мономорфных локусов, присущих всем образцам исследуемой коллекции. На рис. 1 представлен пример амплификации ДНК коллекционных образцов амаранта с праймером ISSR 825.

Так, с применением праймера ISSR 2 детектирован мономорфный фрагмент размером ~394 п.н., праймера ISSR 3 –

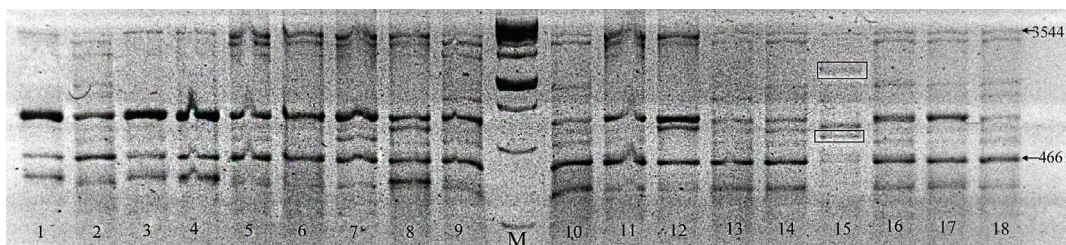


Рис. 1. Электрофореграмма ISSR-паттернов коллекции амаранта, полученная при использовании праймера ISSR 825. Стрелками указаны мономорфные локусы, цифрами – их длина (пар нуклеотидов). Рамками обведены уникальные ДНК-фрагменты 1285 и 585 п.н., соответственно. М – маркер молекулярной массы 1 kb DNA leader. Слева направо спектры образцов 1 – Роганский, 2 – 00087, 3 – К-146, 4 – Вогняна кулька, 5 – Лера, 6 – Студенческий, 7 – Харьковский-1, 8 – К-61, 9 – 00050, 10 – Багряный, 11 – Кармен, 12 – К-22, 13 – Ультра, 14 – 00038, 15 – 00039, 16 – 00079, 17 – 00097, 18 – 00110

~578 п.н.; для ISSR 810 – ~563 п.н.; для ISSR 825 – ампликоны размером ~466 п.н. и 3544 п.н.; с использованием ISSR 826 – ~380, 808 и 1067 п.н.; для ISSR 834 – ~636 и 712 п.н., и для ISSR 842 – ~616 и 1297 п.н. Указанные локусы могут использоваться как родовые маркеры *Amaranthus* L., при условии, что их мономорфность будет подтверждена и у других видов амаранта, не вовлеченных в настоящее исследование.

Для оценки генетической дивергенции коллекции амаранта по результатам ISSR-анализа были рассчитаны генетические дистанции Nei и Li , абсолютные значения которых варьировали от 0,00181 между образцами вида *A. hypochondriacus* L. К-61 и Харьковский-1 до 0,011312 между К-146 (*A. caudatus* L.) и 00039 (*A. hybridus* L.). Полученные результаты свидетельствуют о незначительной филогенетической дивергенции изучаемых образцов амаранта, несмотря на разную видовую принадлежность и эколого-географическое происхождение.

В результате кластерного анализа с использованием метода присоединения ближайших соседей коллекционные образцы были распределены в 3 группы в соответствии с видовой принадлежностью (рис. 2).

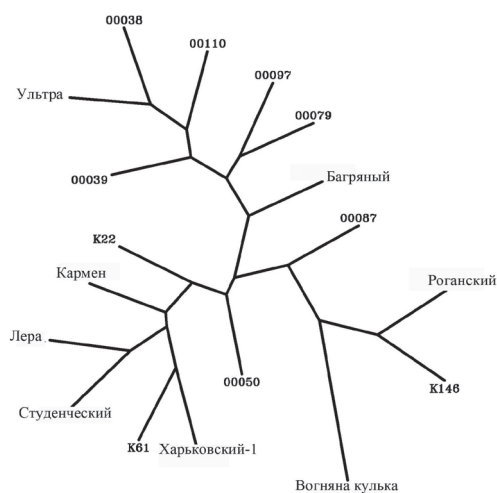


Рис. 2. Дендрограмма филогенетических взаимоотношений изучаемых образцов амаранта по результатам ISSR-анализа

В первый кластер вошли все образцы вида *A. hybridus* L. (Ультра, 00038, 00039, 00079, 00097, 00110). При этом популяции 00079 и 00097, а также 00039 и сорт Ультра на топологии дерева в пределах данной группы образуют общие узлы (рис. 2). Первая пара образцов интродуцирована из Индии, что, вероятно, может объяснить их расположение на одной ветви дендрограммы. Вторая пара образцов имеет разное происхождение (табл. 1), однако они характеризуются сходством по некоторым признакам: раннеспелость,

низкорослость, длинная метелка амарантового типа средней густоты, зеленая окраска листьев и стеблей (в то время, как остальные образцы в этом кластере характеризуются красной окраской растений).

Второй кластер образован преимущественно образцами вида *A. hypochondriacus* L. (рис. 2). Сорта украинской селекции Лера, Студенческий, Харьковский-1 и популяция К-61 (США) на дендрограмме образуют общий узел. Генетическая близость данных образцов может объясняться тем, что все они берут начало от форм, интродуцированных с американского континента [1, 19, 20]. Популяции К-22 и 00050 имеют разное географическое происхождение (табл. 1) и на филогенетическом дереве в пределах второго кластера расположены на отдельных ветвях.

Кластер 3 включает образцы 00087, К-146, сорт Роганский (*A. caudatus* L.) и сорт Вогняна кулька (*A. mantegazzianus* Passer.) (рис. 2). Образцы Роганский и К-146 имеют сходную морфологию (длинные, сильно наклоненные густые метелки, зеленые листья и стебли, прозрачные семена) и на топологии дерева находятся на одной ветви. Расположение в данном кластере образца Вогняна кулька свидетельствует о генетической близости видов *A. caudatus* L. и *A. mantegazzianus* Passer. Данный факт отмечался нами ранее при использовании RAPD-маркеров [18] и подтверждает мнение некоторых авторов [1] о том, что указанные формы являются не отдельными видами, а разновидностями одного и того же вида амаранта – *A. caudatus* L. Популяция 00087 (Россия) в кластере 3 расположена на отдельной ветви, что указывает на ее генетическую обособленность по отношению к другим образцам в пределах данной группы.

Сорта Багряный (Россия) и Кармен (Украина), принадлежащие виду *A. cru-*

entus L., вошли в разные кластеры – 1 и 2, соответственно (рис. 2). Такое их распределение может свидетельствовать в пользу монофилетической гипотезы происхождения зерновых видов амаранта, предложенной Sauer J.D. [21]. Согласно этой теории вид *A. hybridus* L. является прародителем зерновых видов амаранта, *A. cruentus* L. – продукт первичной доместики от *A. hybridus* L. в Центральной Америке. Появление видов *A. caudatus* L. и *A. hypochondriacus* L. автор связывает с многократным переопылением, соответственно, *A. cruentus* и *A. quitensis* на юге, *A. cruentus* и *A. powellii* на севере Северо-Американского континента. Исходя из теории Sauer J.D., вид *A. cruentus* L. является неким переходным звеном эволюции зерновых видов амаранта, что отображено в полученном нами филогенетическом дереве.

Выводы

Таким образом, ISSR-анализ позволил нам выявить высокий уровень полиморфизма изучаемого растительного материала. Получено подтверждение монофилетической гипотезы происхождения зерновых видов амаранта, установлена незначительная филогенетическая дивергенция изучаемых видов. Детектированы уникальные и мономорфные ISSR-локусы, которые могут быть использованы как генетические маркеры определенных образцов амаранта, а также в целом рода *Amaranthus* L. Это особенно важно при идентификации растительного материала и контроле генетической изменчивости растений. ISSR-маркеры оказались эффективной и информативной технологией для оценки генетического разнообразия и выявления скрытой изменчивости популяций амаранта. Полученные нами результаты позволяют дополнить информацию по частной генетике данной культуры.

Список литературы

1. Голцій Т.І. Амарант: біологія, вирощування, перспективи використання, селекція. – Харків, 1999. – 273 с.
2. Офицеров Е.Н. Амарант – перспективное сырьё для пищевой и фармацевтической промышленности // Химия и компьютерное моделирование. Бултеровские сообщения. – 2001. – № 5 (Код 1vr10). – С. 1–4.
3. Поздняков В.В., Тимчук С.М., Бідаш Ю.І., Кир'ян В.М., Кочерга В.Я., Супрун О.Г., Понуренко С.Г., Хрякова В.П. Жиринокислотний склад олій різних видів амаранту (*Amaranthus L.*) // Генетичні ресурси рослин. – 2008. – № 6. – С. 129–135.
4. Макеев А.М., Коренская И.М., Сидоренко А.Ф., Кунин А.А., Платонова В.А., Кравец Б.Б., Суровцев А.И. Амарантовое масло – уникальное природное лекарственное средство // Материалы 1-й Международной научно-практической конференции «Растительные ресурсы для здоровья человека (возделывание, переработка, маркетинг)». – 2002. – С. 255–265.
5. Hauptli H., Jain S.K. Genetic variation in outcrossing rate and correlated floral traits in population of grain amaranth // Genetic. – 1985. – Vol. 66. – P. 21–27.
6. Chan K.F. Phylogenetic relationships and genetic diversity detected by RAPD and isozyme analysis of crop and weedy species of amaranthus // M. Phil. Thesis. – 1997. – <http://hdl.handle.net/10722/32162>.
7. Алтухов Ю.П., Салменкова Е.А. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике // Генетика. – 2002. – Т. 38, № 9. – С. 1173–1195.
8. Календарь Р.Н., Глазко В.И. Типы молекулярно-генетических маркеров и их применение // Физиология и биохимия культурных растений. – 2002. – Т. 34, № 4. – С. 279–295.
9. Использование ПЦР-анализа в генетико-селекционных исследованиях (Научно-методическое руководство) // Под ред. Ю.М. Сиволопа. – К.: Аграрна наука. – 1998. – 156 с.
10. Xu F., Sun M. Comparative analysis of phylogenetic relationships of grain amaranths and their wild relatives (*Amaranthus*; *Amaranthaceae*) using Internal Transcribed Spacer, Amplified Fragment Length Polymorphism, and Double-Primer Fluorescent Intersimple Sequence Repeat Markers // Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2001. – Vol. 21, № 3. – P. 372–387.
11. Ray T., Roy S.C. Phylogenetic relationships between members of *Amaranthaceae* and *Chenopodiaceae* of lower gangetic plains using RAPD and ISSR markers // Bangladesh J. Bot. – 2007. – Vol. 36, № 1. – P. 21–28.
12. Stefunova I.V. Geneticka analiza laskavca (*Amaranthus L.*) DNA markermi: Autoref. diz... prace na ziskanie vedecko-akademickej hodnosti «philosophiae doctor» vo vednom odbore 15-03-9 genetika, Nitra, 2008, 20 p.
13. Labajova M., Senkova S., Zarovska J., Razna K., Bezo M., Stefunova V., Zelenakova L. The potential of ISSR markers in amaranth gamma-radiance mutants genotyping // Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences. – 2011. – Vol. 1, № 4. – P. 507–521.
14. Chan K. F., Sun M. Genetic diversity and relationships detected by isozyme and RAPD analysis of crop and wild species of *Amaranthus* // Theor. Appl. Genet. – 1997. – № 95. – P. 865–873.
15. Ranade S.A., Kumar A., Goswami M., Farooqui N. and Sane P.V. Genome analysis of amaranth: Determination of inter- and intra-species variation // J. Biosci. – 1997. – Vol. 22, № 4. – P. 457–464.
16. Mandal N., Das P.K. Intra- and interspecific genetic diversity in grain amaranthus using random amplified polymorphic DNA markers // Plant Tissue Cult. – 2002. – Vol. 12, № 1. – P. 49–56.
17. Nei M. and Li W.-H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1979. – Vol. 76, № 10. – P. 5269–5273.
18. Лиманская С.В. Оценка генетической изменчивости коллекции амаранта (*Amaranthus L.*) с использованием RAPD-анализа // Цитология и генетика. – 2012. – Т. 46, № 4. – С. 19–26.
19. Goptsiy T., Voroncov N., Popov V., Zhyravel D., Gromenko S. Grain varieties of amaranth developed by selection at Kharkiv national agrarian university and the perspectives of their use // *Amaranth – Plant of the Future: 5th International Symposium of the Duporean Amaranth Association.* – 2008. – P. 97–100.
20. Голцій Т.І., Воронков М.Ф., Загоруйко О.М., Журавель Д.В., Громенко С.В. Амарант білонасінний (*A. hypochondriacus*) як вихідний матеріал в селекції зернового амаранту // Вісник ХНАУ. Серія «Рослинництво, селекція і насінництво, овочівництво». – 2009. – № 7. – С. 75–80.
21. Sauer J.D. Grain amaranth // Simmonds NW, Evolution of crop plants, Longman Group Ltd., London – 1976. – P. 4–7.

Представлена Е.В. Спиридоновой

Поступила 15.10.2012

ISSR-АНАЛІЗ КОЛЕКЦІЙНИХ ЗРАЗКІВ
АМАРАНТУ (*AMARANTHUS L.*)

С.В. Лиманська

Харківський національний аграрний університет
ім. В.В. Докучаєва
Україна, 62483, Харківська обл., Харківський р-н,
п/в «Комуніст-1»
e-mail: svetik_svg@mail.ru

Мета. Вивчити генетичне різноманіття колекції амаранту. **Методи.** Застосований ISSR-аналіз. **Результати.** Виявлений високий поліморфізм (81,9%) колекції амаранту. Детектовано 84 фрагменти ДНК, серед них 12 були мономорфні і 6 – унікальні. Розраховані генетичні дистанції N_{eu} і L_i , значення яких варіювали в діапазоні від 0,00181 до 0,011312. Проведений кластерний аналіз, за результатами якого зразки амаранту були розподілені у три кластери відповідно до видової приналежності. **Висновки.** Встановлено високий рівень генетичної мінливості рослинного матеріалу, що вивчався. Підтверджено монофілетичну гіпотезу походження зернових видів амаранту, відзначено їх незначну філогенетичну дивергенцію. Ідентифіковано унікальні локуси, які можуть бути використані як генетичні маркери певних зразків амаранту.

Ключові слова: амарант, ISSR, поліморфізм, філогенетична дивергенція.

ISSR ANALYSIS OF AMARANTH (*AMARANTHUS L.*) COLLECTION SAMPLES

S.V. Lymanska

Kharkov National Agrarian University nd.a. V.V. Docuchaev
Ukraine, 62483, Kharkov region, Kharkov district,
p/o «Communist-1»
e-mail: svetik_svg@mail.ru

Aim. The aim was to study the genetic diversity of amaranth collection. **Methods.** It was used ISSR analysis. **Results.** Amaranth collection displayed high polymorphism (81.9%). There were detected 84 fragments among which 12 were polymorphic and 6 unique. There was carried out cluster analysis by the results of which amaranth samples were distributed in 3 classes in accord with their species belongings. **Conclusions.** It was ascertained high level of genetic variation for plant material involved. Monophyletic hypothesis of origin for corny amaranth species was confirmed to record their insignificant phylogenetic divergence. Unique loci were identified which may be used as genetic markers for particular amaranth samples.

Key words: amaranth, ISSR, polymorphism, phylogenetic divergention.