

денні селекційної роботи з вітчизняними сортами ячменю, оскільки в разі загрози епіфітотій (у зв'язку з поступовою зміною клімату), може

постраждати значна частина врожаїв цієї широко культивованої в Україні рослини.

### Література

1. Schumann G.L., Leonard K.J.. Stem rust of wheat (black rust) [Електронний ресурс] // The Plant Health Instructor. – 2000. – Режим доступу: <http://www.apsnet.org/edcenter/intropp/lessons/fungi/Basidiomycetes/Pages/StemRust.aspx>
2. Steffenson B.J. Analysis of durable resistance to stem rust in barley // *Euphytica*. – 1992. – 63. – P. 153–167.
3. Nirmala J., Brueggeman R., Maier C., Clay C., Rostoks N., Kannangara C.G., von Wettstein D., Steffenson B.J., Kleinhofs A. Subcellular localization and functions of the barley stem rust resistance receptor-like serine/threonine-specific protein kinase Rpg1 // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 2006. – 103. – P. 7518–7523.
4. Stam M., Mol J.N.M., Kooter J.M. Review article: The silence of genes in transgenic plants. // *Ann. Bot.* – 1997. – 79. – P. 3–12.
5. Eckstein P., Rosnagel B., Scoles G. Allele-specific markers within the barley stem rust resistance gene (Rpg1) [Електронний ресурс] // *Barley Genetics Newsletter*. – 2003. – 33. – Режим доступу: <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn/33/PE1TXT.htm>
6. Brueggeman R., Rostoks N., Kudrna D., Kilian A., Han F., Chen J., Druka A., Steffenson B., Kleinhofs A. The barley stem rust-resistance gene Rpg1 is a novel disease-resistance gene with homology to receptor kinases // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 2002. – 99. – P. 9328–9333.

### IVASCHUK B.V., PIRKO YA. V., BLUME YA.B.

*Institute of Food Biotechnology and Genomics, Natl. Acad. Sci. of Ukraine, Ukraine, 04123, Kyiv, Osypovskogo str., 2a, e-mail: yavp@mail.ru*

### IDENTIFICATION OF RPG1 GENE ALLELIC VARIATIONS IN THE UKRAINIAN BARLEY CULTIVARS

**Aim.** Because of providing a valuable resistance to the different pathotypes of stem rust just gene Rpg1 was selected for the molecular analysis. Determination of Rpg1 gene presence and its allelic condition in the Ukrainian barley cultivars were the objectives of this work. **Method.** Sixty spring *Hordeum vulgare* variety were chosen for the analysis. The PCR with specific primer were used to distinguish different allele of resistance. **Results.** Analysis of sixty Ukrainian barley cultivars defined that no one had the Rpg1 gene «resistant» allele. Also, «susceptible» allele was presented only in sixteen cultivars. The pedigree analysis indicates the kinship between the barley samples with the «susceptible» allele. Odesskaya 9 and Odesskaya 115 are the most reliable cultivars of all that could be the origins of «susceptible» allele. But there is no data that these cultivars were crossed with the foreign resistance sources. So it could be another variant of Rpg1 «susceptible» allele that is somehow involved in the signaling plant immunity pathway. **Conclusion.** Spring barley is a wide grown plant in Ukraine and the gradual global climate changes might be a cause of stem rust epidemic emergence in this country. It is necessary that new resistance cultivars of barley are produced in order to avoid future barley harvest loss.

**Key words:** barley, stem rust, Rpg1 gene, susceptible and resistant alleles.

УДК 575.17 + 575.174.015.3

КОЗУБ Н.О.<sup>1,2</sup>, СОЗІНОВ І.О.<sup>1</sup>, БІДНИК Г.Я.<sup>1,2</sup>, ДЕМ'ЯНОВА Н.О.<sup>1,2</sup>, СОЗІНОВ О.О.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Інститут захисту рослин НААН,

Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 33, e-mail: sia1@i.com.ua

<sup>2</sup> ДУ «Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України»,

Україна, 04123, м. Київ, вул. Осиповського, 2а

### РІЗНОМАНІТНІСТЬ ЗА ЛОКУСАМИ ЗАПАСНИХ БЛІКІВ ПОПУЛЯЦІЙ *AEGILOPS BIUNCIALIS* VIS. ЗАХІДНОГО УЗБЕРЕЖЖЯ КРИМУ

Дикі види є важливим джерелом для збагачення генофонду культурної пшениці за

генами стійкості до абіотичних та біотичних факторів та генами інших господарчо-важливих

ознак [1]. Тому актуальною є проблема збереження їх генетичного різноманіття *in situ* та *ex situ* [2]. Ці два підходи до збереження генетичних ресурсів взаємодоповнюють один одного, проте основою для розробки стратегії збереження генетичного ресурсу виду є оцінка генетичної різноманітності популяцій, дослідження їх генетичної структури. Одним з небагатьох диких родичів культурної пшениці, які ростуть на території України (в Криму) є тетраплоїдний вид *Aegilops biuncialis* Vis. Він має геномну формулу  $UUM^bM^b$  ( $2n = 28$ ), геном  $U$  походить від виду *Ae. umbellulata*, модифікований геном  $M^b$  – споріднений з геномом  $M$  *Ae. comosa* [3]. *Ae. biuncialis* відноситься до найбільш поширених видів егілопсів, проте в Криму він зустрічається лише в південній частині [3, 4]

У наших попередніх дослідженнях [5–7] виявлено високий рівень поліморфізму за локусами запасних білків *Ae. biuncialis* – гліадинів та високомолекулярних субодиниць глютенінів та оцінено генетичне різноманіття деяких кримських популяцій за цими локусами. Ідентифікація множинних алелів дозволяє використовувати локуси запасних білків як зручні молекулярно-генетичні маркери для дослідження різноманіття та стану генетичних ресурсів природних популяцій цього виду. Відомо, що гліадини м'якої пшениці (*T. aestivum*) і її родичів контролюються основними локусами *Gli-1* і *Gli-2*, розмішеними на кінцях коротких плеч хромосом 1 і 6 гомеологічних груп; локуси, що кодують високомолекулярні (НМВ) субодиниці глютенінів (*Glu-1*), знаходяться на довгих плечах хромосом 1 гомеологічної групи [8].

Задачею даної роботи було вивчення генетичної різноманітності популяцій *Ae. biuncialis* Західного узбережжя Криму.

#### Матеріали і методи

Матеріалом дослідження слугували вибірки з природних популяцій *Ae. biuncialis* – між Берегове-Піщане Бахчисарайського р-ну (від 44°88,70' 33°61,13' до 44°90,21' 33°61,40') (далі Берегове), м. Севастополь (околиці заповідника Херсонес Таврійський, 44°61,22' 33°48,83'). З окремого колоса *Ae. biuncialis* для аналізу брали одну зернівку. Розмір проаналізованої вибірки з кожної популяції – 88 зернівок (колосів). Електрофорез високомолекулярних субодиниць глютенінів проводили за методикою Laemmli в 10 % розділюючому гелі [9], електрофорез гліадинів – за методикою [10]. Для кожної зернівки *Ae. biuncialis*

визначали генотип за локусами високомолекулярних субодиниць глютенінів *Glu-U1*, *Glu-M<sup>b</sup>1*, та гліадинів *Gli-U1*, *Gli-M<sup>b</sup>1*. Для позначення алелів цих локусів використовували складені нами каталоги [5, 6]. Зірочкою відмічено алелі, які не було виявлено раніше (тимчасові позначення алелів). Для оцінки популяційно-генетичних параметрів використовували програму POPGENE v. 1.31 [11].

#### Результати і обговорення

Частоти алелів за локусами *Gli-U1*, *Gli-M<sup>b</sup>1*, *Glu-U1*, *Glu-M<sup>b</sup>1* у популяціях *Ae. biuncialis* з Берегового та Севастополя наведено в табл. 1, а показники генної різноманітності – в табл. 2.

Обидві досліджені популяції характеризуються подібними показниками генного різноманіття за дослідженими маркерними локусами. У популяції Берегового середнє число алелів на локус дорівнює 8, у популяції Севастополя – 7 (табл. 2). В обох популяціях найбільше число алелів виявлено за локусом *Gli-U1* (10 і 11, відповідно), середнє ефективне число алелів дорівнює 3, а середній показник генного різноманіття за  $H_e$  є достатньо високим – 0,66 (табл. 2). Найбільше генне різноманіття спостерігається за локусом *Gli-U1* в популяції Берегового (0,823) та за локусом *Glu-U1* у популяції Севастополя (0,75). Слід відмітити, що подібні високі показники різноманіття спостерігаються як у вибірці з популяції, що займає відносно велику площу (вздовж узбережжя Берегове-Піщане), так і у вибірці, зібраної зі значно меншої площі ізольованої популяції на околицях заповідника Херсонес Таврійський. Різноманітність алелів за локусом *Glu-U1*, виявлена в невеликій популяції *Ae. biuncialis* Севастополя (6 алелів), близька до різноманітності алелів за локусом *Glu-U1*, визначеної у колекції 39 зразків *Ae. umbellulata* різного походження (8 алелів серед зразків з Турції, Ірану, Іраку, Азербайджану) [12].

При подібності за показниками різноманіття популяції значно відрізняються за складом та частотами алелів досліджених локусів запасних білків (табл. 1). За локусом *Gli-U1* обидві популяції мають 7 спільних алелів, проте в популяції Берегового переважаючими є алелі *f*, *i*, *e*, тоді як у популяції Севастополя найбільшу частоту має алель *a*. За локусом *Gli-M<sup>b</sup>1* в обох популяціях однаковими є лише два алелі, з них один (*g*) є переважаючим алелем (0,40 і 0,52, відповідно, у двох популяціях), крім нього високі частоти мають алель *c* у популяції в Берегового (0,51) та алель *a* (0,24) у популяції Севастополя. За локусом *Glu-U1* спільними для

обох популяцій є 5 алелів, проте популяції відрізняються за складом домінуючих алелів. У популяції Севастополя найбільшу частоту має алель *b*, якого не виявлено в популяції Берегового, де переважаючими є три алелі: *c* (0,49), *d* (0,20), *e* (0,27). За локусом *Glu-M<sup>b</sup>1*

спільними є 4 алелі. Популяції відрізняються за переважаючими алелями цього локусу: у вибірці Берегове-Піщане переважає алель *m* (63%), тоді як у популяції з Севастополя найбільші частоти мають алелі *a* і *g*.

Таблиця 1. Частоти алелів за локусами запасних білків у вибірках з популяцій *Ae. biuncialis* з Берегового і Севастополя (розмір кожної вибірки N = 88)

Локус, алель	Частота		Локус, алель	Частота	
	Берегове	Севастополь		Берегове	Севастополь
<i>Gli-UI</i>			<i>Glu-UI</i>		
<i>a</i>	0,057	<b>0,636</b>	<i>a</i>	0,034	0,068
<i>c</i>	0,068		<i>b</i>		<b>0,420</b>
<i>d</i>	0,011	0,011	<i>c</i>	<b>0,443</b>	0,159
<i>e</i>	<b>0,193</b>	0,011	<i>d</i>	<b>0,205</b>	0,091
<i>f</i>	<b>0,261</b>	0,023	<i>e</i>	<b>0,273</b>	0,114
<i>h</i>	0,023	0,091	<i>g</i>	0,034	0,148
<i>i</i>	<b>0,205</b>	0,091	<i>j</i> *	0,011	
<i>j</i>	0,148	0,091	<i>Glu-MI</i>		
<i>l</i>		0,011	<i>a</i>	0,034	<b>0,489</b>
<i>n</i>		0,011	<i>b</i>	0,125	0,193
<i>o</i>		0,011	<i>c</i>		0,034
<i>bc</i> *		0,011	<i>e</i>	0,011	
<i>p</i> *	0,023		<i>f</i>		0,011
<i>t</i> *	0,011		<i>g</i>	0,011	<b>0,216</b>
<i>Gli-MI</i>			<i>m</i>	<b>0,636</b>	0,057
<i>a</i>		<b>0,239</b>	<i>n</i>	0,023	
<i>c</i>	<b>0,511</b>	0,08	<i>o</i> *	0,125	
<i>d</i>	0,023		<i>p</i> *	0,023	
<i>e</i>	0,023		<i>null</i> *	0,011	
<i>f</i>	0,011				
<i>g</i>	<b>0,398</b>	<b>0,523</b>			
<i>i</i>		0,011			
<i>k</i>		0,148			
<i>l</i>	0,023				
<i>a-null</i> *	0,011				

Таблиця 2. Показники генної різноманітності у популяціях *Ae. biuncialis* з Берегового (Б) і Севастополя (С) (розмір вибірки N = 88)

Локус	$n_a^*$		$n_e^*$		$H^*$	
	Б	С	Б	С	Б	С
<i>Gli-UI</i>	10	11	5,604	2,320	0,823	0,569
<i>Gli-M<sup>b</sup>1</i>	7	5	2,373	2,790	0,578	0,642
<i>Glu-UI</i>	6	6	3,174	4,004	0,684	0,750
<i>Glu-M<sup>b</sup>1</i>	9	6	2,279	3,056	0,561	0,672
Середнє	<b>8</b>	<b>7</b>	<b>3,357</b>	<b>3,042</b>	<b>0,662</b>	<b>0,658</b>

Примітка:  $n_a^*$  – фактичне число алелів,  $n_e^*$  – ефективне число алелів,  $H^*$  – генне різноманіття за Nei.

У даних популяціях виявлено ряд рідкісних алелів, що не зустрічались раніше при аналізі кримських зразків. Це  $p^*$ ,  $t^*$  за *Gli-UI*,  $a$ - $null^*$  (у якого відсутній мажорний гама-компонент) за *Gli-M<sup>b</sup>1*,  $j^*$  ( $u3+u8$ ) за *Glu-UI*,  $o^*$ ,  $p^*$  ( $m9+m8$ ),  $null^*$  (нуль-алель) за локусом *Glu-M<sup>b</sup>1* у популяції з Берегового і *Gli-UIbc<sup>\*</sup>* в популяції з Севастополя. Білкові компоненти, кодовані деякими з цих нових алелів, показано на рисунку.

Генетична ідентичність даних популяцій за  $N_e$  дорівнює (0,40), генетична відстань – 0,924, що свідчить про значні відмінності між даними популяціями за проаналізованими маркерними локусами.

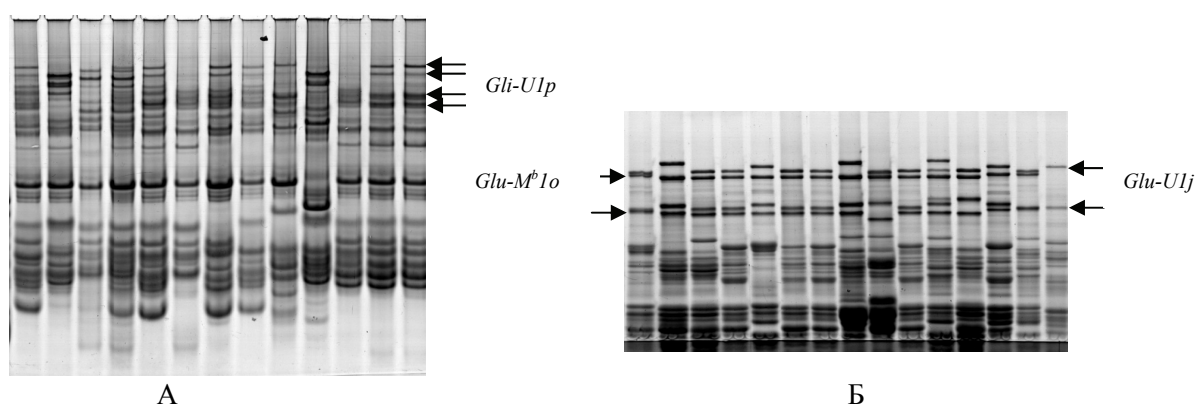


Рис. Фрагмент електрофореграми гліадинів (А) і SDS-електрофореграми (Б) окремих зернівок зразків з популяції *Ae. biuncialis* з Берегового. Стрілками позначені компоненти, кодовані певними алелями

### Література

- Schneider A., Molnar I., Molnar-Lang M. Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat // *Euphytica*. – 2008. – 163. – P. 1–19.
- Nevo E. Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their bearing on conservation *ex situ* and *in situ* // *Genet. Resources Crop Evol.* – 1998. – 45. – P. 355–370.
- Богуславский Р.Л., Голик О.В. Род *Aegilops* L. как генетический ресурс селекции. – Харьков, 2004. – 236 с.
- Van Slageren M.W. Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. et Spach.) Eig (*Poaceae*) // Wageningen Agricultural University Papers.– Wageningen, The Netherlands, 1994. – N 94–7. – 512 p.
- Козуб Н.А., Созинов И.А., Ксиниас И.Н., Созинов А.А. Разнообразие аллелей локусов высокомолекулярных субъединиц глютеинов *Aegilops biuncialis* Vis. // *Генетика*. – 2011. – 47, № 9. – С. 1216–1222.
- Козуб Н.А., Созинов И.А., Созинов А.А. Идентификация аллелей гліадинових локусов *Gli-UI* и *Gli-M<sup>b</sup>1* *Aegilops biuncialis* Vis. // *Генетика*. – 2012. – 48, № 4. – С. 473–479.
- Козуб Н.А., Созинов И.А., Созинов А.А. Разнообразие крымских популяций дикого сородича пшеницы *Aegilops biuncialis* Vis. по локусам запасных белков // *Фактори експериментальної еволюції організмів*. – К.: Логос, 2012. – 3. – С. 455–459.
- Payne P.I. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality // *Ann. Rev. Plant Physiol.* – 1987. – 38. – P. 141–153.
- Laemmli U.K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4 // *Nature*. – 1970. – 227, N 5259. – P. 680–685.
- Kozub N.A., Sozinov I.A., Sobko T.A., Kolyuchii V.T., Kuptsov S.V., Sozinov A.A. Variation at storage protein loci in winter common wheat cultivars of the Central Forest-Steppe of Ukraine // *Цитология и генетика*. – 2009. – 43, № 1. – С. 69–77.

### Висновки

Отже, в результаті даного дослідження охарактеризовано генетичну різноманітність двох популяцій західного узбережжя Криму – Берегове-Піщане та ізолювана популяція на околицях заповідника Херсонес Таврійський (Севастополь). Дані популяції характеризуються високим генним різноманіттям за локусами запасних білків та значно відрізняються за частотами алелів за дослідженими маркерними локусами. Отримані результати можуть бути використані для моніторингу стану різноманіття популяцій *Ae. biuncialis* Південно-Західного Криму.

11. Yeh F.C., Boyle T.J.B. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits // *Belgian J. of Botany*. – 1997. – 129. – P. 157.
12. Rodriguez-Quijano M., Nieto-Taladriz M.T., Carrillo J.M. Polymorphism of high molecular weight glutenin subunits in three species of *Aegilops* // *Genet. Resources Crop Evol.* – 2001. – 48. – P. 599–607.

**KOZUB N.A.**<sup>1,2</sup>, **SOZINOV I.A.**<sup>1</sup>, **BIDNYK H.Ya.**<sup>1,2</sup>, **DEMIANOVA N.A.**<sup>1,2</sup>, **SOZINOV A.A.**<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> *Institute of Plant Protection, NAAS,*

*Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylykivska str., 33, e-mail: sial@i.com.ua*

<sup>2</sup> *State Institution "Institute of Food Biotechnology and Genomics, NAS of Ukraine",*

*Ukraine, 04123, Kyiv, Osypovskogo str., 2a*

### **GENETIC DIVERSITY AT STORAGE PROTEIN LOCI IN *AEGILOPS BIUNCIALIS* VIS. IN POPULATIONS FROM THE WESTERN COAST CRIMEA**

**Aims.** The objective of the investigation was analysis of genetic diversity of *Ae. biuncialis* populations from the Western coast Crimea. **Methods.** Samples from natural populations of Beregove (Bakhchisarai region) and Sevastopol were analyzed. SDS electrophoresis of high-molecular-weight glutenin subunits and APAG electrophoresis of gliadins were used to identify alleles at the *Gli-U1*, *Gli-M<sup>b</sup>1*, *Glu-U1*, *Glu-M<sup>b</sup>1* loci.

**Results.** Frequencies of alleles at the storage protein loci in two populations of *Ae. biuncialis* and genic variation statistics were determined. The populations were characterized with respect to predominant alleles.

**Conclusions.** The *Ae. biuncialis* populations from the Western coast Crimea show similarly high values of genic diversity at the storage protein loci but significantly differ in the predominant alleles and their frequency. These data can be used for the monitoring of the state of diversity of *Ae. biuncialis* populations of the Western coast Crimea.

**Key words:** *Aegilops biuncialis*, diversity, storage proteins, alleles.

**УДК 633.179(477.4):631.529.003.13**

**КУЛИК М.І., ЮРЧЕНКО С.О.**

*Полтавська державна аграрна академія Міністерства аграрної політики та продовольства України,*

*Україна, 36003, м. Полтава, вул. Сковороди, 1/3, e-mail: maksimkylik@mail.ru*

### **ФОРМУВАННЯ ПРОДУКТИВНОСТІ ІНТРОДУКОВАНОГО В ЦЕНТРАЛЬНІЙ ЧАСТИНІ УКРАЇНИ *PANICUM VIRGATUM* L. (ПРОСА ЛОЗОПОДІБНОГО)**

Інтродукція була і залишається дієвим способом виявлення найбільш адаптованих та продуктивних рослин, які у процесі акліматизації мають різні пристосувальні реакції, адаптація яких пов'язана з певною перебудовою фенотипу завдяки тому, що генотип містить деякий надлишок спадкової інформації [1].

Не винятком є і енергетичні рослини, фітомасу яких використовують для виготовлення біопалива – одного із альтернативних видів поновлюваної енергії.

В якості сировини для біопалива передбачається використовувати багаторічні культури, які б були добре адаптовані до певних умов культивування та спрощену технологію вирощування. І це має забезпечити в тих чи інших умовах найбільшу продуктивність та вихід корисної продукції (сухої фітомаси

рослин). Для вирішення цієї проблеми практичний інтерес представляють такі культури: сорго багаторічне, міскантус (слонова трава), верба, світчграс (просо лозоподібне). Із вище перерахованих фітоенергетичних культур, просо лозоподібне є однією з культур у якої низька собівартість вирощування та висока продуктивність [2, 3].

*Panicum virgatum* L. (просо лозоподібне) цінується в першу чергу як сировина для виробництва альтернативних видів енергії – твердого біопалива [4], а також має технічні якості стебел, та використовується як декоративний злак [5].

На даний час просо лозоподібне вже інтродукується в Україні: вивчаються його ботаніко-біологічні особливості [6], розробляються елементи технології вирощування цієї культури [8–10] та етапи виготовлення