

Література

1. Venskutonis P. R., Kraujalis P. Nutritional components of amaranth seeds and vegetables : a review on composition, properties, and uses. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*. 2013. Vol. 12, No. 4. P. 381–412. DOI: <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12021>.
2. Caselato-Sousa V. M., Amaya-Farfán J. State of knowledge on amaranth grain: a comprehensive review. *Journal of Food Science*. 2012. Vol. 77, No. 4. P. R93–R104. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1750-3841.2012.02645.x>.
3. Nasirpour-Tabrizi P., Azadmard-Damirchi S., Hesari J., Piravi-Vanak Z. Amaranth seed oil composition. In: *Amaranth: a promising crop for food and nutrition*. IntechOpen, 2020. DOI: <https://doi.org/10.5772/intechopen.91381>.
4. Васько В. О., Гудим О. В., Рожак О. Г. Застосування експериментального мутагенезу в селекції рослин. *Селекція і насінництво*. Харків, 2015. Вип. 107. С. 8–18. DOI: <https://doi.org/10.30835/2413-7510.2015.54025>.
5. Hudym O., Lymanska S., Gopciy T., Turchinova N., Mikhaylenko V., Kryvoruchenko R., Rozhkov R., Stankevych S. Amaranth variability at different doses of gamma radiation. *Ukrainian Journal of Ecology*. 2021. Vol. 11, No. 8. P. 146–151. DOI: [10.15421/2021_282](https://doi.org/10.15421/2021_282).
6. Гудим О. В. Прояв селекційно цінних ознак у ліній амаранта, отриманих індукованим мутагенезом. *Зернові культури*. 2025. Т. 9, № 1. С. 49–55. DOI: [10.31867/2523-4544/0360](https://doi.org/10.31867/2523-4544/0360).
7. Szabóová M., Záhorský M., Gažo J., Geuens J., Vermoesen A., D'Hondt E., Hricová A. Differences in seed weight, amino acid, fatty acid, oil, and squalene content in γ -irradiation-developed and commercial amaranth varieties (*Amaranthus* spp.). *Plants*. 2020. Vol. 9, No. 11. DOI: [10.3390/plants9111412](https://doi.org/10.3390/plants9111412).
8. Joshi D. C., Bhinda M. S., Pal R. S. et al. The comparative mutagenic effectiveness and efficiency of electron beam, gamma rays, ethyl methane sulphonate and sodium azide to induce novel genetic variation in grain amaranth (*A. hypochondriacus* L.). *Heliyon*. 2025. Vol. 12, No. 1. DOI: [10.1016/j.heliyon.2025.e44496](https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2025.e44496).

ОЦІНЮВАННЯ МІЖСОРТОВОГО ПОЛІМОРФІЗМУ МАЛИНИ ЗА ВИКОРИСТАННЯ SSR-PCR-АНАЛІЗУ

Димань Н. О., здобувач ступеня доктора філософії
Карпук Л. М., д. с.-г. н., професор
Білоцерківський національний аграрний університет,
м. Біла Церква, Україна

Малина (*Rubus idaeus* L.) є однією з провідних ягідних культур у світі, проте її селекція ускладнюється обмеженим генетичним різноманіттям елітних

сортів, поліплоїдією та труднощами класифікації через міжвидову гібридизацію. У зв'язку з цим ДНК-маркери, зокрема мікросателітні (SSR – Simple Sequence Repeats), стали незамінним інструментом генетичного аналізу та вдосконалення культури [1]. SSR-алелі успадковуються відповідно до законів Менделя, що дає змогу безпосередньо визначати гомо- та гетерозиготні генотипи і використовувати їх для перевірки родоводів, паспортизації сортів та маркер-опосередкованого добору бажаних генотипів [2]. Першу генетичну карту для червоної малини *R. idaeus* L. було розроблено у 2004 р. [3].

Метою роботи було дослідження генетичної структури сортів малини за SSR-PCR-маркерами та оцінювання ефективності їх використання для вивчення генетичного поліморфізму й спорідненості сортів малини, які культивуються в Україні.

Об'єктом досліджень слугували 12 сортів малини: 6 сортів, зареєстрованих у Державному реєстрі сортів рослин, придатних для поширення в Україні (Благородна, Брусвяна, Космічна, Новокитаївська, Осіння, Промінь), 5 сортів, виключених з реєстру (C1–C5), та 1 сорт американської селекції – Херітейдж, вирощуваних в умовах ТОВ «Еліта» смт Терезине Київської області. ДНК виділяли з молодих листків за використання СТАВ-буферу. Генотипування проведено за 10 мікросателітними локусами (RiM017, RiM019, RhM003, RhM011, RhM043, Rub1a, Rub4a, Rub223a, Rub228a і Rub262b). Аналіз поліморфізму мікросателітних локусів здійснювали шляхом електрофоретичного розділення продуктів ампліфікації у 8% денатурувальному поліакриламідному гелі з подальшим фарбуванням нітратом срібла; розмір алелів визначали за маркерами молекулярних мас GeneRuler. Генетичні параметри (Na, Ne, Ho, He, F, I) розраховано в комп'ютерній програмі PopGen версії 1.31, індекс поліморфності локусу (PIC) – за частотами ідентифікованих алелів. На підставі індексів генетичної ідентичності проведено кластерний аналіз і побудовано дендрограму за методом UPGMA.

За 10 дослідженими локусами у сортів малини виявлено загалом 45 алелів розміром від 114 до 328 п. н. Найбільшу кількість алелів (8) отримано за локусом RiM019, найменшу (2) – за локусом RhM011. Середня кількість алелів на локус становила $4,6 \pm 0,581$. Виявлено низку унікальних алелів, які дають змогу індивідуально ідентифікувати окремі сорти, зокрема Брусвяну, Осінню, Херітейдж, Космічну, C1 і C2.

Значення ефективної кількості алелів варіювали від 1,291 (RiM017) до 5,053 (Rub228a), індексу Шеннона – від 0,456 до 1,77. Найвищий рівень фактичної гетерозиготності зафіксовано за локусом RiM019 (83,3%), найнижчий – за локусом RhM011 (8,3%). За значеннями PIC до високоінформативних віднесено локуси Rub228a, RiM019, Rub262b і Rub4a (0,777–0,567), до помірноінформативних – Rub1a, RhM003, RhM011 і Rub223a (0,483–0,346); значення PIC локусів RiM017 і RhM043 виявилися нижчими за 0,25, що свідчить про їх низьку інформативність [4].

Розмах генетичних відстаней за Неєм між дослідженими сортами становив від 0,0093 до 2,0127, а індексів генетичної ідентичності – від 0,0056 до 0,9398. За

результатами кластерного аналізу побудовано дендрограму генетичних взаємовідносин, яка показала відокремлене положення сорту американської селекції Херітейдж від сортів української селекції, тоді як решта сортів розподілилися на два чіткі кластери, що здебільшого узгоджується з даними про їхнє селекційне походження. Отримані результати підтверджують високу цінність SSR-маркерів для створення молекулярно-генетичних паспортів сортів, що важливо для захисту прав інтелектуальної власності селекціонерів та усунення дублювання в колекціях генетичних ресурсів [5].

Отже, вперше в Україні проведено визначення генотипів мікросателітних локусів сортів малини червоної. Встановлено високий рівень поліморфізму SSR-маркерів, доведено можливість оцінювання спорідненості зразків на основі розподілу мікросателітних алелів. Отримані дані свідчать про перспективність застосування протестованих маркерів для оцінювання генетичного різноманіття вітчизняного генофонду малини, а також розроблення методів ідентифікації і паспортизації її сортів, що може бути використано для захисту авторських прав селекціонерів.

Література

1. Dyman N., Karpuk L. The use of DNA markers in raspberry (*Rubus* L.) research: a review. *Agrobiology*. 2023. № 2. С. 67–77. DOI: 10.33245/2310-9270-2023-183-2-67-77.
2. Foster T., Nahla M., Bassil V., Dossett M., Worthington M., Graham J. Genetic and genomic resources for *Rubus* breeding: a roadmap for the future. *Horticulture Research*. 2019. Vol. 6. P. 116. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0199-2>.
3. Graham J., Smith K., MacKenzie K., Jorgenson L., Hackett C., Powell W. The construction of a genetic linkage map of red raspberry (*Rubus idaeus* subsp *idaeus*) based on AFLPs, genomic-SSR and EST-SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004. № 109. P. 740–749. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1687-8>.
4. Simlat M., Ptak A., Kula A., Orzeł A. Assessment of genetic variability among raspberry accessions using molecular markers. *Acta Sci. Pol. Hortorum Cultus*. 2018. Vol. 17(5). P. 61–72. DOI: 10.24326/asphc.2018.5.6.
5. Fernández-Fernández F., Antanaviciute L., Govan C. L., Sargent D. J. Development of a multiplexed microsatellite set for fingerprinting red raspberry (*Rubus idaeus*) germplasm and its transferability to other *Rubus* species. *Journal of Berry Research*. 2011. Vol. 1(4). P. 177–187.