

УДК 633.111:577.21

СКРИНІНГ СОРТІВ ОЗИМОЇ М'ЯКОЇ ПШЕНИЦІ НА НАЯВНІСТЬ ПШЕНИЧНО-ЖИТНЬОЇ ТРАНСЛОКАЦІЇ ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ

А.І. СТЕПАНЕНКО², Б.В. МОРГУН^{1,2}, Т.В. ЧУГУНКОВА¹, Н.І. АДАМЕНКО¹,
Л.Г. ВЕЛИКОЖОН¹¹Інститут фізіології рослин і генетики Національної академії наук України
Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 31/17

e-mail: t.chugunko@gmail.com

²Інститут клітинної біології та генетичної інженерії Національної академії наук України
Україна, 03680, м. Київ, вул. Академіка Заболотного, 148

Мета. За допомогою ПЛР-аналізу з використанням праймерів до локусів *Xrems1303* та *ω-secalin*, які знаходяться у короткому плечі хромосоми 1R жита, виявити наявність центрично пшенично-житньої транслокації у геномі сортів м'якої озимої пшениці. **Методи.** ДНК-аналіз за допомогою полімеразної ланцюгової реакції та електрофоретичне визначення продуктів ампліфікації. **Результати.** Виявлено сорти м'якої озимої пшениці з пшенично-житньою транслокацією. **Висновки.** Специфічні праймери до локусів, які знаходяться у 1RS плечі хромосоми жита, можуть використовуватися для аналізу сортів пшениці на наявність пшенично-житньої транслокації.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., ДНК-маркери, ПЛР-аналіз, мультиплексна ПЛР, житньо-пшенична транслокація.

Вступ. Широке використання у селекції м'якої озимої пшениці незначної кількості «видатних» сортів як джерел господарсько-цінних ознак, окрім прогресу у підвищенні продуктивності сортів, призвело до звуження їхньої генетичної основи та збільшення спорідненості генофонду виду. Недостатня стійкість сучасних сортів до хвороб, шкідників, ряду екстремальних абіотичних факторів стимулювала дослідження, пов'язані з пошуком відповідних генів у споріднених і віддалених видів і родів злаків.

Серед сортів, ліній та іншого селекційного матеріалу м'якої пшениці, що містять гени, одержані в результаті міжвидової та міжродової інтрогресивної гібридизації, особливе місце займають форми з пшенично-житніми транслокаціями [1]. Поширення одержали сорти м'якої пшениці, які містять пшенично-житню транслокацію 1BL.1RS, меншою мірою – транслокацію 1AL.1RS [2–4]. Аналіз великої кількості вітчизняних сортів озимої м'якої пшениці виявив пшенично-житню транслокацію 1BL.1RS у 22, а транслокацію 1AL.1RS – у 4 сортів [5].

Сорти пшениці з 1BL.1RS транслокацією, як правило, містять гени, які контролюють стійкість до таких грибових патогенів, як бура іржа (*Lr26*), стеблова іржа (*Sr31*), жовта іржа (*Yr9*), борошніста роса (*Pm8*) [6–8] та інші гени стійкості до хвороб та шкідників [9]. За даними [6] розташування генів стійкості у короткому плечі хромосоми жита 1RS наступне: центромера – *Sec1* – *Lr26/Sr31/Yr9* – теломера. Транслокація 1AL.1RS набула розповсюдження серед

комерційних сортів завдяки присутності генів стійкості до біотипів попелиці (*Gb2*, *Gb6*), борошнистої роси (*Pm17*), кіща [10].

Рослини пшениці з житньою транслокацією можуть бути посухостійкішими, з підвищеною адаптаційною здатністю, у них збільшується врожайність, вміст білка в зерні [11, 12]. У трьох сортів ярої м'якої пшениці, створених у Західному Сибіру за участю сорту Кавказ, який несе пшенично-житню транслокацію 1BL.1RS, вміст білка і сирої клейковини в зерні знаходились або на рівні сортів, які не мали транслокації, або перевищували їх [13]. Слід зазначити, що прояв генів, які локалізовані у короткому плечі 1RS жита, залежить від генотипу (генотипічного середовища) сортів пшениці [14, 15].

Багаторічне використання і дослідження сортів із пшенично-житньою транслокацією 1BL.1RS дозволило з'ясувати, що локус *Sec-1*, який входить до її складу, виявляє негативний вплив на хлібопекарські якості пшениці. Професором А. Лукашевським шляхом хромосомної інженерії було створено оригінальні транслокантні форми (1RSm.1BL), у яких замість 1RS плеча жита міститься модифікована 1RSm конструкція. Від оригінального плеча жита вона відрізняється двома інтеркалярними вставками, які є фрагментами плеча пшеничної хромосоми і характеризуються відсутністю локусу *Sec-1*. Використання ліній з модифікованою транслокацією вважається перспективним у селекції пшениці [16, 17].

Для ідентифікації житньої 1R хромосоми або її короткого плеча 1RS у складі пшенично-житніх транслокацій у сортів, ліній пшениці використовують біохімічні, молекулярно-біологічні, цитогенетичні, молекулярно-цитогенетичні методи [14, 17–19]. Достатньо традиційним є аналіз за біохімічними маркерами – секалінами, проламінами жита, які кодуються локусом *Sec-1*,

розміщеним у короткому плечі хромосоми 1R та іншими білковими маркерами.

Перспективним є використання сучасних молекулярно-генетичних методів, зокрема мультиплексного визначення цільових генів [20, 21], для вирішення фундаментальних питань, які пов'язані з пошуком критеріїв для ідентифікації генетичного, морфологічного, фенотипового різноманіття рослин.

Завданням наших досліджень було показати можливість ідентифікації сортів пшениці з пшенично-житньою транслокацією за допомогою молекулярно-генетичних методів.

Матеріали і методи

Об'єктами дослідження були сорти пшениці з пшенично-житньою транслокацією – Золотоколоса, Смоглянка, Фаворитка, Крижинка. Як контроль на відсутність транслокації використовували сорт Альбатрос одеський. Виділення сумарної ДНК проводили із 4-добових етиольованих проростків, використовуючи набір реагентів «ДНК-сорб-С» («AmpliSens», Росія). Наявність пшенично-житньої транслокації визначали методом ПЛР (полімеразної ланцюгової реакції). Праймери, до локусів *Xrems1303* та ω -secalin у геномі пшениці, та умови проведення ПЛР-аналізу відповідали рекомендаціям авторів [17, 22, 23].

Як внутрішній контроль для полімеразної ланцюгової реакції використовували праймери до гена гліцеральдегід-3-фосфат дегідрогенази (*G3PDH*) форвардний (F) 5'-TCACCACCGAGTACATGACC-3' та реверсний (R) 5'-TCGTCCTTGAGCTTGATGT-3' [25], розмір амплікону 604 п.н. Реакційна суміш містила: по 0,25 мкМ форвардного та реверсного праймерів, у буфері DreamTaq™ Green Buffer (The Thermo Scientific), по 0,2 мМ кожного дезоксирибонуклеозид-3-фосфату, 1 од. полімерази DreamTaq™ DNA Polymerase (The Thermo Scientific), 50 нг сумарної ДНК,

деіонізовану воду Milli-Q до кінцевого об'єму 20 мкл. Ампліфікацію фрагментів ДНК проводили за такою програмою: первинна денатурація становила 94 °C 4 хв та 35 циклів: денатурація – 94 °C 30 с, реасоціація – 57 °C 30 с, елонгація – 72 °C 35 с, кінцева елонгація – 72 °C 10 хв. Продукти ампліфікації розділяли методом електрофорезу в 1,2%-му агарозному гелі з додаванням 2,5 мкг/мл бромистого етидію в 0,5 × TBE (трис-боратному) буфері, напруженість становила 5 В/см протягом 1,5 год [24]. Маркер молекулярної маси – GeneRuler™ DNA Ladder Mix (The Thermo Scientific). Негативний контроль – без додавання матриці ДНК (TE буфер, pH 8,0).

Для виявлення локусу *Xrems1303* застосовували праймери – 5'-TAGCACCACTCGCTCTCTCA-3' (F) та 5'-TTTCCCATCAGA AAAATCGC -3' (R), розмір очікуваного амплікону – 290 п.н. Реакційна суміш містила: по 0,25 мкМ праймерів, у буфері DreamTaq™ Green Buffer, по 0,2 мМ кожного дезоксирибонуклеозид-3-фосфату, 1 од. полімерази DreamTaq™ DNA Polymerase, 50 нг сумарної ДНК, деіонізовану воду Milli-Q до кінцевого об'єму 20 мкл. Ампліфікацію фрагментів ДНК проводили у термоциклері за такою програмою: первинна денатурація становила 94 °C 4 хв та 35 циклів: денатурація – 94 °C 30 с, реасоціація – 52 °C 30 с, елонгація – 72 °C 23 с, кінцева елонгація – 72 °C 10 хв [17].

Продукти ампліфікації розділяли методом електрофорезу в 1,6%-му агарозному гелі з додаванням 2,5 мкг/мл бромистого етидію в 0,5 × TBE (трис-боратному) буфері, напруженість становила 5 В/см протягом 1,5 год [24]. Маркер молекулярної маси – GeneRuler™ DNA Ladder Mix. Негативний контроль – без додавання матриці ДНК (TE буфер).

Наявність локусу ω -secalin визначали, застосовуючи праймери – 5'-CCTTCCTCATCTTTGTCCTC -3' (F) та 5'-

GCTCTGGTCTCTGGGGTTGT -3' (R), розмір очікуваного амплікону – 400 п.н. Склад реакційної суміші для ПЛР використовували такий, як зазначено вище. Умови ампліфікації: первинна денатурація – 94 °C 4 хв та 35 циклів: денатурація – 94 °C 45 с, реасоціація – 65 °C 1 хв, елонгація – 72 °C 1 хв 30 с, кінцева елонгація – 72 °C 10 хв [17]. Продукти ПЛР виявляли електрофоретично у 1,2%-му агарозному гелі з додаванням 2,5 мкг/мл бромистого етидію в 0,5 × TBE буфері [24].

Як внутрішній контроль в мультиплексних полімеразних ланцюгових реакціях використовують різні гени. У нашій роботі застосовували праймери до гена *TaTM20* та локусу *Xrems1303*. Для виявлення гена *TaTM20* застосовували наступні праймери 5'-AAGGGTTGCTCCTCTTCGCG ATCTTG-3' (F) та 5'-GTACATGCCAGCACCG TATGGATTG-3' (R) [25]. Реакційна суміш включала: по 0,25 мкМ праймерів до локусу *Xrems1303*, по 0,175 мкМ праймерів до гена *TaTM20*, по 2 мкл буфера для ПЛР 10×DreamTaq™ Green Buffer, по 0,2 мМ кожного дезоксирибонуклеозид-3-фосфату, 1 од. полімерази DreamTaq™ DNA Polymerase, 50 нг сумарної ДНК, деіонізовану воду Milli-Q до кінцевого об'єму 20 мкл. Використовували оригінальні умови ампліфікації: первинна денатурація – 94 °C 4 хв, 9 циклів: денатурація – 94 °C 30 с, реасоціація – 64 °C (зі зниженням на 1°C в кожному циклі) 30 с, елонгація – 72 °C 21 с та 25 циклів: денатурація – 94 °C 30 с, реасоціація – 54 °C 30 с, елонгація – 72 °C 21 с, кінцева елонгація – 72 °C 5 хв. Продукти ПЛР виявляли електрофоретично у 1,2%-ному агарозному гелі з додаванням 2,5 мкг/мл бромистого етидію в 0,5 × TBE буфері [24].

Мультиплексну полімеразну реакцію проводили з використанням такого рослинного матеріалу: сорти Нива Київщини, Тюбальт, Торчинська, Переяславка, Золотоколоса, Смуглянка та генотипи з моди-

фікованим 1RS плечем жита, одержаним із відділу генетичних основ селекції Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннізнавства та сортовицтва НААН України.

Для мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції на локус *Sec-1* використовували праймери до локусу ω -*secalin* та гена *TaTM20*, які описані вище. Реакційна суміш містила: по 0,25 мкМ праймерів до локусу ω -*secalin*, по 0,125 мкМ праймерів до гена *TaTM20*, по 2 мкл буфера для ПЛР 10×DreamTaq™ Green Buffer, по 0,2 мМ кожного дезоксирибонуклеотид-3-фосфату, 1 од. полімерази DreamTaq™ DNA Polymerase, 50 нг сумарної ДНК, деіонізовану воду Milli-Q до кінцевого об'єму 20 мкл. Умови амплікації: первинна денатурація – 94 °С 4 хв та 34 циклів: денатурація – 94 °С 30 с, реасоціація – 65 °С 1 хв, елонгація – 72 °С 27 с, кінцева елонгація – 72 °С 5 хв [17]. Продукти ПЛР виявляли електрофоретично в 1,2%-ному агарозному гелі з додаванням 2,5 мкг/мл бромистого етидію в 0,5 × TBE буфері [24].

ПЛР-аналіз проводили у термоциклері Mastercycler Personal 5332 Eppendorf.

Результати та обговорення

Одним із методів виявлення хромосомних транслокацій у рослин є використання молекулярно-генетичного аналізу ДНК на основі полімеразно-ланцюгової реакції. ПЛР-аналіз із застосуванням молекулярних маркерів є ефективним способом детекції житніх транслокацій у генотипі пшениці. У наших дослідженнях використовували праймери до локусів (генів), які розташовані у транслокованому у геном пшениці короткому плечі хромосоми 1R жита.

Визначення якості ДНК із використанням праймерів до гена гліцеральдегід-3-фосфат дегідрогенази пшениці (*G3PDH*) засвідчило (рис. 1), що досліджувані сорти містили амплікон довжиною 604 п.н., тобто виділена нами ДНК із рослин пшениці є достатньої якості для проведення ПЛР.

Результати ПЛР-аналізу з використанням специфічних праймерів до локусу *Xrems1303* (рис. 2) засвідчили, що сорти Золотоколоса (А–4, 5, 6), Фаворитка (А–7, 8, 9), Смоглянка (В–1, 2, 3) і Крижинка (В–4, 5, 6) містять амплікон довжиною 290 п.н. Це підтверджує наявність у геномі цих сортів пшениці короткого плеча хромосоми 1R жита.

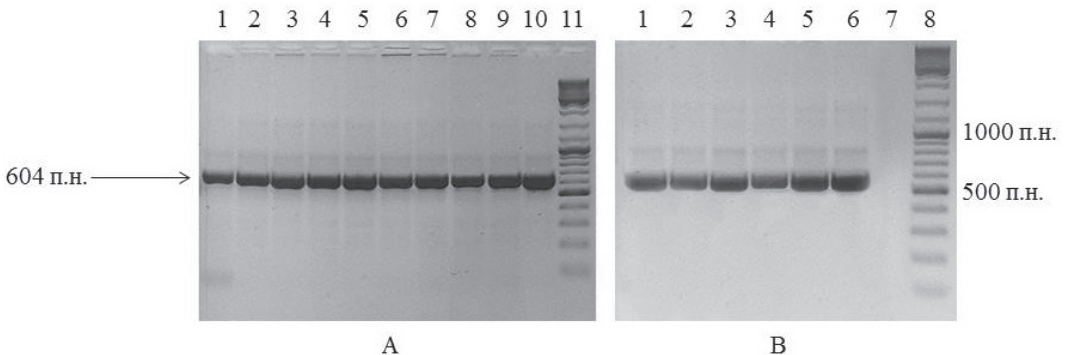


Рис. 1. Електрофореграма продуктів амплікації гена *TaG3PDH* сортів м'якої пшениці: Альбатрос одеський (А–1, 6, 7); Золотоколоса (А–2, 8, 9); Фаворитка (А–3, 10; В–1); Смоглянка (А–4; В–2, 3); Крижинка (А–5; В–4, 5); позитивний контроль – сорт Зимоярка (В–6); негативний контроль – ТЕ буфер без додавання ДНК (В–7); маркер молекулярної маси GeneRuler™ DNA Ladder Mix (А–11, В–8)

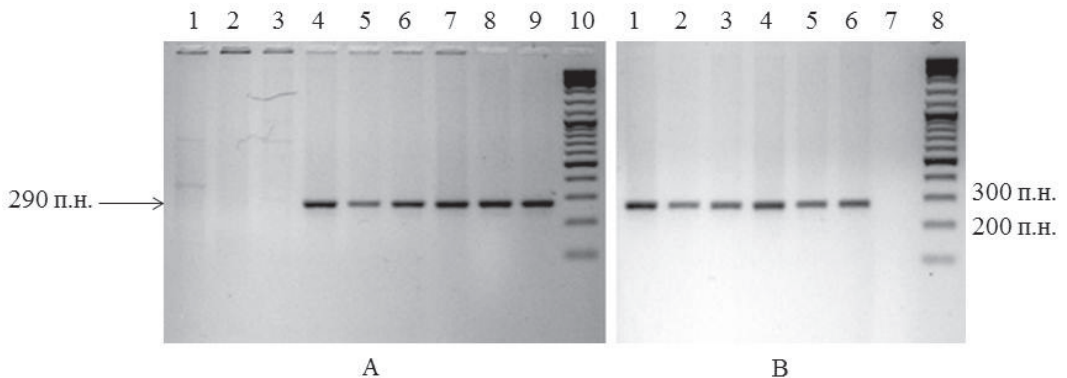


Рис. 2. Електрофореграма продуктів ампліфікації локусу *Xrems1303* сортів м'якої пшениці: Альбатрос одеський (А–1, 2, 3); Золотоколоса (А–4, 5, 6); Фаворитка (А–7, 8, 9); Смуглянка (В–1, 2, 3); Крижинка (В–4, 5, 6); негативний контроль – ТЕ буфер без додавання ДНК (В–7); маркер молекулярної маси GeneRuler™ DNA Ladder Mix (А–10, В–8)

Для сорту Альбатрос одеський (А–1, 2, 3) показана відсутність амплікону такої довжини.

Аналіз ДНК досліджуваних сортів пшениці із застосуванням праймерів для локусу ω -secalin виявив у них амплікони довжиною 400 п.н. (рис. 3).

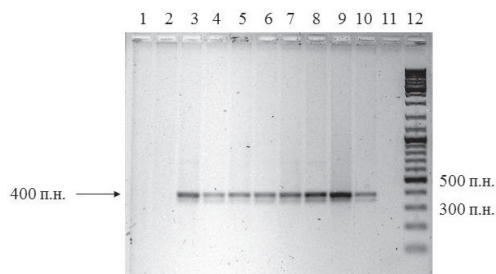


Рис. 3. Електрофореграма продуктів ампліфікації локусу ω -secalin сортів м'якої пшениці: Альбатрос одеський – 1, 2; Золотоколоса – 3, 4; Фаворитка – 5, 6; Смуглянка – 7, 8; Крижинка – 9, 10; негативний контроль – ТЕ буфер без додавання ДНК–11; маркер молекулярної маси GeneRuler™ DNA Ladder Mix – 12

Ці продукти ампліфікації визначають наявність локусу ω -secalin у загальній ДНК пшениць сортів Золотоколоса (3, 4), Фаворитка (5, 6), Смуглянка(7, 8) і Крижинка (9, 10). У сорта Альбатрос одеський (1, 2) не знайдено ампліконів такої довжини, що свідчить про відсутність пшенично-житньої транслокації в даному сорті пшениці.

Особливого значення набувають методи, які дозволяють ідентифікувати в одній реакції декілька ділянок ДНК, які обмежені різними парами праймерів. У нашій роботі використовували мультиплексні полімеразні ланцюгові реакції до гена *TaTM20* та локусу *Xrems1303*, а також до гена *TaTM20* та локусу ω -secalin. Локус *Xrems1303* проявляється у сортів, які несуть як звичайну пшенично-житню транслокацію, так і у генотипів з модифікованою пшенично-житньою конструкцією 1RSm.1BL (рис. 4). У сортів Нива Київщини, Тюбальт, Торчинська, Переяславка, які не містять пшенично-житніх транслокацій, при ампліфікації фрагменти довжиною 290 п.н. не визначено.

Результати мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції з праймером до локусу ω -secalin (рис. 5) свідчать про наявність цього локусу лише у сортів Золотоколоса та Смуглянка, які містять звичайну пшенично-житню транслокацію.

У генотипах пшениці з модифікованим 1RSm плечем жита (7–10) також не детектується специфічні амплікони розміром 400 п.н., що свідчить про відсутність локусу ω -secalin у досліджуваних зразках.

Метод мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції дає змогу знизити ви-

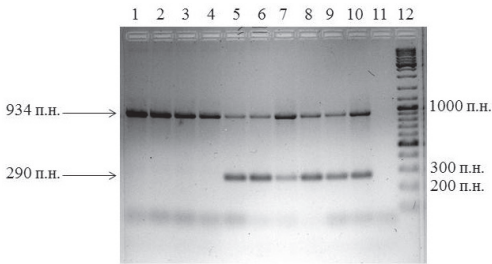


Рис. 4. Електрофореграма продуктів мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції до гена *TaTM20* та локусу *Xrems1303* м'якої пшениці: сорти пшениці без транслокації – Нива Київщини (1), Тюбальт (2), Торчинська (3), Переяславка (4); сорти із звичайною пшенично-житньою транслокацією – Золотоколоса (5), Смуглянка (6); генотипи пшениці з присутнім модифікованим 1RSm плечем жита (7–10); негативний контроль ТЕ буфер (11), маркер молекулярної маси GeneRuler™ DNA Ladder Mix (12)

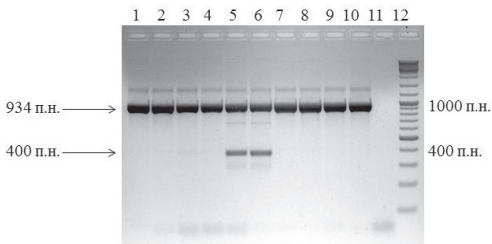


Рис. 5. Електрофореграма продуктів мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції до гена *TaTM20* та локусу ω -*secalin* м'якої пшениці: сорти пшениці без транслокації – Нива Київщини (1), Тюбальт (2), Торчинська (3), Переяславка (4); сорти із звичайною пшенично-житньою транслокацією – Золотоколоса (5), Смуглянка (6); генотипи пшениці з присутнім модифікованим 1RSm плечем жита (7–10); негативний контроль ТЕ буфер (11), маркер молекулярної маси GeneRuler™ DNA Ladder Mix (12)

трату реактивів, забезпечує економію робочого часу та зменшує вірогідність отримання хибних результатів [21].

Висловлюємо щиру вдячність доктору біологічних наук, професору О.І. Рибалці за наданий рослинний матеріал з модифікованою пшенично-житньою транслокацією.

Висновки

Застосування методу полімеразної ланцюгової реакції дозволило ідентифікувати пшенично-житню транслокацію у сортах пшениці вітчизняної селекції. Це свідчить про перспективність використання ДНК-технологій для прискореної реалізації сучасних селекційно-генетичних програм, спрямованих на створення високопродуктивних адаптованих сортів м'якої озимої пшениці.

Список літератури

1. *Lukaszewski A.J., Gustafson J.P., Apolinarska B.* Transmission of chromosomes through the eggs and pollen of triticale x wheat F₁ hybrids // *Theor. Appl. Genet.* – 1982. – Vol. 63. – P.49–55.
2. *Lukaszewski A.J.* Frequency of 1RS.1AL and 1RS.1BL translocations in United States wheat // *Crop Sci.* – 1990. – Vol. 30. – P. 1151–1153.
3. *Rabinovich S.V.* Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivars of *Triticum aestivum* L. // *Euphytica.* – 1998. – Vol. 100. – P. 323–340.
4. *Shlegel R.* Current list of wheats with rye and alien introgression. – 2010. – V05–08, 1–14. www.desicca.de/Wheat-rye-introgression.
5. *Власенко В.А.* Створення вихідного матеріалу для адаптивної селекції і виведення високопродуктивних сортів пшениці в умовах Лісостепу України: Автореф. дис. ... докт. с.-г. наук. – Одеса, 2008. – 48 с.
6. *Singh N.K., Shepherd K.W., McIntosh R.A.* Linkage mapping of genes for resistance to leaf, steam and stripe rust and *secalins* on the short arm of rye chromosome 1R // *Theor. Appl. Genet.* – 1990. – Vol. 80. – P. 609–616.
7. *McIntosh R.A., Hart G., Gale M.* Catalogue of gene symbols for wheat // *Proc. of the 8th Intern. Wheat Genet. Symp.* / Eds Z.S. Li, Z.Y. Xin. Beijing, China. – 1993. – P. 1333–1500.
8. *McIntosh R.A., Yamazaki Y., Devos K.M. et al.* Catalogue of gene symbols for wheat // *Proc. of the 10th Intern. Wheat Genet. Symp.* / Eds N.E.Pogna, M. Romano, G. Galterio. Paestum, Italy, 2003. – P. 1–6.
9. *Meltz G., Schlegel R., Thiele V.* Genetic linkage map of rye // *Theor. Appl. Genet.* – 1992. – Vol. 83. – P. 33 – 45.
10. *Козуб Н.О., Созінов І.О., Колючий В.Т., Власенко В.А., Собко Т.О., Созінов О.О.* Ідентифікація 1AL/1RS транслокації у сортів м'якої пшениці

- української селекції // Цитология и генетика . – 2005. – Т. 39, № 4. – С. 20 – 24.
11. Hoffmann B. Alteration of drought tolerance of winter wheat caused by translocation of rye chromosome segment 1R // Cereal Res. Commun. – 2008. – Vol. 36. P. 269–278.
 12. Kim W., Jonson P.S., Baenziger P.S. et al. Agronomic effect of wheat-rye translocation carrying rye chromatin (1R) from different sources // Crop Sci. – 2004. – Vol. 44. – P. 1254–1258.
 13. Трубачева Н.В., Росеева Л.П., Белан И.А. и др. Особенности сортов яровой мягкой пшеницы Западной Сибири, несущих пшенично-ржаную транслокацию 1RS.1BL // Генетика. – 2011. – Т. 47, № 1. – С. 18 – 24.
 14. Козуб Н.А., Созинов И.А., Созинов А.А. Сопряженность 1BL/1RS транслокации с качественными и количественными признаками у мягкой пшеницы *T. aestivum* // Цитология и генетика. – 2001. – Т. 35, № 5. – С. 74–80.
 15. Zhou Y., He Z.H., Sui X.X. et al. Genetic improvement of grain yield and associated traits in the Northern China winter wheat region from 1960 to 2000 // Crop Sci. – 2007. – Vol. 47. – P. 245–253.
 16. Рибалка О.І. Якість пшениці та її поліпшення. – К.: Логос, 2011. – 495 с.
 17. Сиволап Ю.М., Чеботар С.В., Сударчук Л.В. Детекція 1R_S-1A_L, 1R_S-1B_L та модифікованої транслокації за 1R_S хромосомою у селекційних форм м'якої пшениці. Методичні рекомендації. – Одеса. – 2011. – 13 с.
 18. Gupta R.B., Shepherd K.W. Identification of rye chromosome 1R translocations and substitutions in hexaploid wheats using storage proteins as genetic markers // Plant Breeding. – 1992. – 109. – P.130 – 140.
 19. Berzonsky W.F., Francki G. Biochemical, molecular and cytogenetic technologies for characterizing 1RS in wheat : a review // Euphytica. – 1999. – Vol. 108. – P. 1 – 15.
 20. Alkami Quick Guide TM for PCR. A laboratory reference for the Polymerase Chain Reaction. www.alkami.com,
 21. Федоренко Т.В., Марковский О.В., Михальченко М.В., Банникова М.О., Моргун Б.В. Спосіб детекції трансформаційної події кукурудзи MON810 методом мультиплексної полімеразної ланцюгової реакції. – 36. наук. праць. Наукові, прикладні та освітні аспекти фізіології, генетики, біотехнології рослин і мікроорганізмів. – К., 2012. – С. 208–209.
 22. Khlestkina E.K., Than M.H.M., Pestsova E.D., Röder M.S., Malyshev S.V., Korzun V., Börner A. Mapping of 99 new microsatellite-derived loci in rye (*Secale cereale* L.) including 39 expressed sequences tags // Theor. Appl. Genet. – 2004. – Vol. 109. – P. 725–732.
 23. Chai J.F., Zhou R.H., Jia J.Z., Liu X. Development and application of a new codominant PCR marker for detecting 1B_L-1R_S wheat-rye chromosome translocation // Plant Breeding. – 2006. – Vol. 125. – P. 302–304.
 24. Sambrook J., Russell D.W. Molecular cloning: a laboratory manual. Third edition. 3 V. – 2001. – 749 p.
 25. Yu-Young Kim, Do-Young Kim, Donghwan Shim et al. Expression of the Novel Weat Gene TM20 Confers Enhanced Cadmium Tolerance to Bakers' Yeast // J. of Biological Chemistry. – 2008. – 283, № 23. – P. 15893 – 15902.

Представлено О.М. Тищенко
Надійшла 14.11.2012

СКРИНИНГ СОРТОВ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА НАЛИЧИЕ ПШЕНИЧНО-РЖАНОЙ ТРАНСЛОКАЦИИ С ПОМОЩЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ

А.И. Степаненко², Б.В. Моргун^{1,2},
Т.В. Чугункова¹, Н.И. Адаменко¹,
Л.Г. Великожон¹

¹Институт физиологии растений и генетики Национальной академии наук Украины
Украина, 03022, г. Киев, ул. Васильковская, 31/17
e-mail: t.chugunko@gmail.com

²Институт клеточной биологии и генетической инженерии Национальной академии наук Украины
Украина, 03680, г. Киев, ул. Академика Заболотного, 148

Цель. При помощи ПЦР-анализа с использованием праймеров к локусам Xrems1303 и ω-secalin, которые расположены в коротком плече хромосомы 1R ржи, определить наличие пшенично-ржаной транслокации в геноме сортов мягкой озимой пшеницы. **Методы.** ДНК-анализ при помощи полимеразной цепной реакции и электрофоретическое определение продуктов амплификации. **Результаты.** Определено наличие пшенично-ржаной транслокации в сортах мягкой озимой пшеницы. **Выводы.** Специфические праймеры к локусам, которые расположены в 1RS плече хромосомы ржи, могут использоваться для анализа сортов пшеницы на наличие пшенично-ржаной транслокации.

Ключевые слова: *Triticum aestivum* L., ДНК-маркеры, ПЦР-анализ, мультиплексная ПЦР, пшенично-ржаная транслокация.

SCREENING OF THE WINTER WHEAT VARIETIES FOR THE PRESENCE OF WHEAT-RYE TRANSLOCATION BY DNA MARKERS

A.I. Stepanenko², B.V. Morgun^{1,2}, T.V. Chugunkova¹, N.I. Adamenko¹, L.G. Velykozhon¹

¹Institute of Plant Physiology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine
Ukraine, 03022, Kyiv city, Vasylkivska str., 31/17
e-mail: t.chugunko@gmail.com

²Institute of Cell Biology and Genetic Engineering NAS of Ukraine
Ukraine, 03680, Kyiv, Akademika Zabolotnogo str., 148

Aim. Using primers to loci Xrems1303 and ω-secalin found in the short arm of rye 1R chromosome to identify the presence of wheat-rye translocations in the genome of soft winter wheat varieties by PCR analysis. **Methods.** DNA analysis by polymerase chain reaction and electrophoretic determination of amplification products. **Results.** Varieties of soft winter wheat with wheat-rye translocation were discovered. **Conclusions.** Specific primers to loci found in 1RS arm of rye chromosome can be used for screening of wheat varieties for the presence of wheat-rye translocation.

Key words: *Triticum aestivum* L., DNA markers, PCR-analysis, multiplex-PCR, rye-wheat translocation.