

УДК 631.524.82:633.13

Егорова Т. В.

ВСТАНОВЛЕННЯ ЗЧЕПЛЕННЯ МІЖ ГЕНАМИ ГОЛОЗЕРНОСТІ-ПЛІВЧАСТОСТІ ТА ГЕНАМИ КІЛЬКІСНИХ ОЗНАК ВІВСА

У статті розглянуто можливість сумісної передачі генів, що контролюють голозерність-плівчастість, та генів деяких кількісних ознак вівса посівного. Встановлено зчеплення маркерних генів N4, N5 із генами, які можна вважати ідентифікованими QTLs.

Ефективність аналізу рослини за кількісними ознаками набагато підвищується, якщо вдається встановити зв'язок між генами, що контролюють кількісні ознаки (QTLs) та генами ознак з альтернативною мінливістю [1-3]. Тому найважливішим завданням у генетичному аналізі вівса посівного є створення популяцій, перспективних для використання як популяцій, що картують, із застосуванням молекулярно-генетичних та морфологічних маркерів.

Матеріали та методи дослідження

Як матеріал використано сорт Абель, що має рецесивні алелі генів N4, N5, які зумовлюють голозерність, та сорти Скакун і Деснянський, що мають домінантні алелі цих генів, які зумовлюють плівчастий тип зерна. Вивчення популяції, що розщеплюється, (у нашому дослідженні - тільки F₂) на контраст середніх значень виконуємо так [4]: · серед рослин виділяємо групу осо-

бин із градацією маркерної ознаки, яка властива материнському компоненту схрещування, і групу особин із градацією ознаки, яка властива батьківському компоненту схрещування; .. за кожною з вивчених кількісних ознак розраховуємо групові середні значення з похибками середніх для обох груп (x_1 і x_2); ... порівнюємо середні значення за критерієм Ст'юдента. Якщо різниця між ними несуттєва, ознака не розглядається відносно визначеного гена-маркера. Якщо різниця між середніми значима, розглядається й обговорюється можливість спільної передачі через фізичне зчеплення в одній хромосомі гена-маркера і гена, що робить істотний внесок у формування середнього значення за даною кількісною ознакою. Для кожної комбінації схрещування досліджено зв'язок із геном-маркером усіх вивчених кількісних ознак, а не тільки тих, за якими батьківські сорти значимо відрізнялися один від одного. Адже відсутність фенотипічних відмінностей між компонентами схрещування не може розглядатися як однозначний доказ відсутності генотипічної різниці. Останнє з'ясовується тільки при вивченні гібридних нащадків.

Результати дослідження та їх обговорення

Ознака голозерність-плівчастість характеризується повною пенетрантністю та повноцінною експресивністю і є потенційним генетичним морфологічним маркером при генетичному аналізі селекційно-важливих кількісних ознак. До ознаки голозерність виявляють цікавість також селекціонери вівса як до селекційно-цінної.

З табл. 1 видно, що за всіма вивченими нами кількісними ознаками сорти Абель та Скакун

не відрізняються один від одного (значення t -критерію для відмінностей між середніми в рядку $t_{x_1-x_2}$).

Порівняння групових середніх значень за кожною з кількісних ознак показало, що вони не відрізняються один від одного за ознаками, які є кількісними характеристиками волоті. За продуктивною кущистістю та масою зерна з рослини середні значення в групі рослин F_2 з голозерним типом зерна (градація ознаки, притаманна сорту Абель) перевищують середні значення для групи рослин F_2 з плівчастим типом зерна на рівні значущості 0,001. За ознаками висота рослини, маса зерна з волоті, маса 100 зерен навпаки, середні значення для групи рослин F_2 з плівчастим типом зерна перевищують середні значення в групі рослин F_2 з голозерним типом зерна (градація ознаки, притаманна сорту Абель) на рівні значущості від 0,05 до 0,001. Причому відмінності між груповими середніми мають місце, хоча батьківські сорти один від одного не відрізнялися за жодною з вивчених кількісних ознак. За результатами генетичного аналізу сортів із плівчастим та голозерним типом зерна можна зробити висновок, що комплементарні гени $N4$ та $N5$ розміщені в різних групах зчеплення, можливо, в різних хромосомах. У нашому випадку через відсутність потрібної кількості генів-маркерів ми не можемо встановити, з яким саме геном – $N4$ чи $N5$ – має сумісну передачу QTL (або QTLs), участь якого (яких) у контролі ознак маса зерна, продуктивна кущистість та висота рослини простежується в результаті його (їх) сумісного успадкування з аелями, які контролюють голозерний-плівчастий тип зерна. Для двох ознак із п'яти, для яких зафіксовано значущу відмінність

Таблиця 1. Результати дослідження популяції (Скакун x Абель) F_2 на сумісну передачу генів $N4$ і $N5$ та QTLs ряду ознак вівса

Параметри ¹	Ознаки ²									
	ВР	ПК	ДВ	КГВ	ККВ	КЗВ	Щ	МЗР	МЗВ	М100З
$x_{Ск}$	145,7	3,5	22,9	11,9	81	80,4	3,5	9,8	2,8	2,5
s_x	1,5	0,3	0,4	0,4	3,1	3,2	0,1	1,1	0,2	0,1
x_{Ab}	137,9	3,5	22,1	11,5	65,9	63,4	2,9	5,7	1,7	2,3
s_x	2,7	0,4	0,6	0,5	5,6	5,8	0,2	1,4	0,2	0,1
$t_{x_1-x_2}$	2,5	0,1	1,1	0,5	2,4	2,6	2,9	2,3	3,8	1,7
x_1	152,7	2,0	23,0	10,1	56,4	55,8	2,5	5,3	2,5	2,9
s_x	1,9	0,1	0,3	0,3	1,9	1,9	0,1	0,3	0,2	0,1
x_2	147,4	3,9	23,3	10,3	59,1	58,7	2,5	7,7	1,9	2,1
s_x	0,6	0,1	0,4	0,4	0,9	1,3	0,1	0,6	0,1	0,03
$t_{x_1-x_2}$	2,69**	-9,3***	-0,6	-0,4	-1,3	-1,3	-0,3	-3,8***	2,5*	5,9***

У табл. 1–2: ¹ x_x – середнє значення ознаки батьківських сортів, $x_{1,2}$ – групові середні значення ознаки, s_x – похибка середнього значення ознаки, t – значення критерію Ст'юдента.

² ВР – висота рослини, ПК – продуктивна кущистість, ДВ – довжина волоті, КГВ – кількість гілочок на волоті, ККВ – кількість квіток на волоті, КЗВ – кількість зерен на волоті, Щ – щільність волоті, МЗР – маса зерна з рослини, МЗВ – маса зерна з волоті, М100З – маса 100 зерен.

* різниця істотна на рівні значущості $p < 0,05$; ** – на рівні значущості $p < 0,01$; *** – на рівні значущості $p < 0,001$.

Таблиця 2. Результати дослідження популяції (Деснянський × Абель) F₂ на сумісну передачу генів N4 і N5 та QTLs ряду ознак вівса

Параметри ¹	Ознаки ²									
	ВР	ПК	ДВ	КГВ	ККВ	КЗВ	Щ	МЗР	МЗВ	М1003
x _{де}	149,3	4,4	23,9	11,83	75,75	74,58	3,13	11,18	2,59	2,47
s _x	1,97	0,46	0,52	0,42	5,68	5,54	0,19	1,24	0,24	0,08
x _а	137,9	3,45	22,1	11,54	65,96	63,39	2,96	5,73	1,69	2,33
s _x	1,49	0,19	0,25	0,28	2,02	1,95	0,07	0,41	0,08	0,04
t _{x-а}	4,60	1,95	3,12	0,58	1,624	1,90	0,84	4,17	3,56	1,57
x ₁	148,5	4,25	23,5	13,313	69,16	67,75	2,94	8,35	2,01	2,62
s _x	2,03	0,34	0,40	0,45	3,13	3,18	0,12	0,80	0,12	0,04
x ₂	141,9	2,90	22,0	10,20	57,10	56,8	2,60	4,14	1,54	2,09
s _x	0,53	0,46	0,89	0,20	3,32	3,35	0,12	0,48	0,17	0,08
t _{x1-x2}	3,15**	2,37*	1,53	6,37***	2,64**	2,37**	1,89	4,49***	2,32*	5,90***

між груповими середніми, відмінностей за відповідними ознаками між компонентами схрещування не було (продуктивна кущистість та маса 100 зерен), та для однієї ознаки (маса зерна з рослини) не було відповідності між напрямком різниці між середніми значеннями у батьків та в групах F₂. За результатами генетичного аналізу сортів Скакун та Абель за кількісними ознаками для всіх перерахованих ознак було встановлено генетичний контроль за участю міжгенної взаємодії. Від цього схрещування у нас недостатньо популяцій, що розщеплюються для того, щоб за допомогою тесту сумісного шкалування встановити, чи знаходяться гени, взаємодія між якими створює певний фенотипічний ефект у стані притягання (належать одному батьківському сорту) або відторгнення (знаходяться в генотипах партнерів по схрещуванню). Однак те, що в F₂ з'являється група рослин із фенотипом, який відповідає за генетичним маркером одному з батьків, а за іншим - кількісними ознакам, що являють собою трансгресію - є певним доказом на користь останнього припущення.

Інша пара сортів-носіїв контрастних градацій ознаки, Деснянський та Абель, також відрізняються один від одного за трьома вивченими нами кількісними ознаками (табл. 2) (значення t-критерію для відмінностей між середніми в рядку t_{x-а}).

Порівняння групових середніх значень за кожною з кількісних ознак показало, що вони відрізняються один від одного майже за всіма кількісними ознаками (виключення - довжина та щільність волоті). На відміну від попередньо-

го, у цьому випадку середні значення для групи рослин F₂ з півчастим типом зерна за всіма кількісними ознаками перевищують середні значення в групі рослин F₂ з голозерним типом зерна (градація ознаки, притаманна сорту Абель) на рівні значущості від 0,05 до 0,001. Для ознак висота рослини, маса зерна з рослини та волоті мають місце відмінності між середніми як для компонентів схрещування, так і для середніх між групами рослин з F₂ з батьківськими фенотипами з маркерною ознакою. Таке положення дає змогу прямо пов'язувати гени, що сприяють зменшенню фенотипічного прояву перерахованих ознак, та гени голозерності сорту Абель. З огляду на результати генетичного аналізу сортів Деснянський та Абель, йдеться переважно про вклад генів з адитивним ефектом. Для ознак кількість гілочок та квіток (зерен) на волоті і маса 100 зерен в F₂ з'являється група рослин із фенотипом сорту Абель (голозерність), але з кількісним виразом, який являє собою негативну трансгресію. Порівняно з комбінацією Скакун × Абель генетичні відмінності між сортами Деснянський та Абель описуються простіше. В цьому випадку трансгресивне розщеплення може бути обумовлено участю в ньому різних генів з адитивним типом міжгенної взаємодії.

Висновки

Результатом вивчення популяцій F₂, які одержано від схрещування сортів Скакун та Деснянський на Абель, є встановлення розміщення в одній групі зчеплення вивчених нами генів-маркерів N4, N5 та QTL низки кількісних ознак.

1. Рокицкий П. Ф. Введение в статистическую генетику. - Минск, 1974.-448 с.
2. Серебровский А. С. Генетический анализ. - М.: Наука, 1970.
3. Lander E., Botstein D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps // Genetics. - 1989.-

121.-Р. 185-199.

4. Терновская Т. К. Хромосомная локализация главных генов количественных признаков (QTL) пшеницы с использованием генов-маркеров D хромосом // Цитология и генетика. - 2000. - 34, - № 2. - С. 16-23.

T. Yegorova

LINKAGE DETERMINATION BETWEEN THE GENES FOR NAKADNESS
AND GENES CONTROLLING SOME TRAITS OF AVENA SATIVA

The possibility of joint transfer of genes controlling naked and hulled kernel and the genes for several quantitative traits of oat cultivated is considered. The linkage of marker genes N4, N5 with the genes, which should to be considered as identified QTLs, was revealed.