P.111-125.

4. Саналатий А.В. Идентификация генотипов подсолнечника украинской селекции при помощи SSRP-анализа / А.В. Саналатий, А.Е. Солоденко, Ю.М. Сиволап // Цитология и генетика. – 2006. – Т. 40, № 4. – С.31-37
5. Солоденко А.Е. Идентификация генотипов подсолнечника с помощью микросателлитных маркеров / А.В. Солоденко , А.В. Саналатий, Ю.М. Сиволап // Цитология и генетика. – 2004. – Т. 38. № 2. – С.15-19.
6. Microsatellite isolation and characterization in sunflower (Helianthus annuus L.) / [Paniego N., Eschaide M., Munoz M., at.al] // Genome. – 2002. – №.45. – P.34-43.
7. Solodenko A. Genotyping of Helianthus based on microsatellite sequences / A.Solodenko, Y.Sivolap // Helia. – 2005. – Nr.42. – P.19-26.
8. Микросателитные локусы как маркеры для идентификации и сертификации линий и гибридов подсолнечника селекции ВНИИМК / С.З. Гучетель, Т.А. Челюстникова, Т.С. Антонова, С.А. Рамзанова // Масличные культуры. Научно- технический бюлетень ВНИИМК. – 2007. – Вып. 2 (137). – С.27-32.

REFERENCES

1. Gavrilova V.A. Genetika kulturnykh rasteniy. Podsolnechnik. / V.A. Gavrilova, I.N.Anisimova – SPb: VIZR, 2003. – 209 s.
2. Konovalov F.A. Kartirovanie i molekulyzrno-geneticheskiy analiz genov gorokha (Pisum sativum L.): avtoref. dis. na soiskanie nauch. stepeni kand. biol. nauk : spets. 03.00.15 «Genetika»/ Institut obshch. genetiki im. N.I. Vavilova RAN. – M., 2006. - 20 s.
3. Knapp S.I. Genetic mapping in sunflowers DNA / S.I.Knapp, S.T.Berry L.H Rieseberg // Based Markers in Plants.– Kluwer Academic Publishers Printed in the Netherlands. – 2001. – P.111-125.
4. Sanalatiy A.V. Identifikatsiya genotipov podsolnechnika ukrainskoy selektsiy pri pomoshchi SSRP-analiza / A.V. Sanalatiy, A.E. Solodenko, Yu.M. Sivolap // Tsitologiya i genetika. – 2006. – T. 40, № 4. – S.31-37
5. Solodenko A.E. Identifikatsiya genotipov podsolnechnika s pomoshchyu mikrosatelitnykh markerov / A.E. Solodenko, A.V. Sanalatiy, Yu.M. Sivolap // Tsitologiya i genetika. - 2004.- T. 38. № 2. - S.15-19.
6. Microsatellite isolation and characterization in sunflower (Helianthus annuus L.) / [Paniego N., Eschaide M., Munoz M., at.al] // Genome. – 2002. – №.45. – P.34-43.
7. Solodenko A. Genotyping of Helianthus based on microsatellite sequences / A.Solodenko, Y.Sivolap // Helia. – 2005. – Nr.42. – P.19-26.
8. Mikrosatelitnye lokusy kak marker dlya identifikatsiy i sertafikatsiy liniy i gibridov podsolnechnika selektsiy VNIIMK / S.Z. Guchetel, T.A. Chelyustnikova, T.S. Antonova, S.A. Ramazanova // Maslichnye kultury. Nauchno- tekhnicheskiy byuleten VNIIMK. – 2007. – Vyp. 2 (137). – S.27-32.

УДК 633.791:575.113

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ *CHS*2, *CHS*3 ТА *CHS*4 У СОРТІВ ХМЕЛЮ ЗВИЧАЙНОГО УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ

Венгер А. М., Волкова Н. Е.

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення

65036,Україна, Одеса, вул. Овідіопольська дорога, 3

venger87@ukr.net

Молекулярно-генетичними методами визначено поліморфізм генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4, що кодують халконсинтази 2-4 хмеля звичайного в сортів української селекції в регіонах інтронів.

Біоінформатичними методами визначено поліморфізм цих генів у нуклеотидних послідовностей із Національного центру біотехнологічної інформації. Проведено анотацію генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 хмелю звичайного. Встановлено рівень поліморфізму цих генів у вибірці сортів хмелю звичайного української селекції. Проведений порівняльний аналіз рівня поліморфізму цих генів у сортів хмелю звичайного української селекції та інших виборок сортів світової колекції.

Ключові слова: хміль звичайний, халконсинтази, поліморфізм, chs*2*, chs*3* та chs*4* гени.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ *CHS*2, *CHS*3 И *CHS*4 У СОРТОВ ХМЕЛЯ ОБЫЧНОГО УКРАИНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ

Венгер А. М., Волкова Н. Е.

Селекционно-генетический институт – Национальный центр семеноведения и сортоизучения

65036,Украина, Одесса, ул. Овидиопольская дорога, 3

venger87@ukr.net

Молекулярно-генетическими методами определен полиморфизм генов *chs*2, *chs*3 и *chs*4, которые кодируют халконсинтазы 2-4 хмеля обыкновенного у сортов украинской селекции в регионах интронов. Биоинформатическими методами определен полиморфизм данных генов у нуклеотидных последовательностей из Национального центра биотехнологической информации. Проведена аннотация генов *chs*2, *chs*3 и *chs*4 хмеля обыкновенного. Определен уровень полиморфизма данных генов в выборке сортов хмеля обыкновенного украинской селекции. Проведен сравнительный анализ степени полиморфизма данных генов у сортов хмеля обыкновенного украинской селекции и других выборок сортов мировой селекции.

Ключевые слова: хмель обыкновенный, халконсинтазы, полиморфизм, chs2, chs3 и chs4 гены.

MOLECULAR-GENETIC POLYMORPHISM OF *CHS*2, *CHS*3 AND *CHS*4 GENES IN HOP UKRAINIAN VARIETIES

Venger A. M., Volkova N. E.

Plant-breeding and genetics Institute;

Ukraine, 65036, Odessa, Ovidiopol’s’ka doroga Str., 3

venger87@ukr.net

Hop (*Humulus lupulus* L.) is a dioecious perennial climbing plant from *Cannabaceae* family. The primary commercial application of the hop plant has historically been in the beer brewing industry. Also, there is potential to develop new hop products, such as phytoceuticals, due to various biological activities (antibacterial, antifungal, anticancer, sedative, soporific, estrogenic) of unique secondary metabolite . Secondary metabolites (some of which impart the bitter taste and aroma to beer), such as bitter acids (alpha-acids humulone and cohumulone, beta-acids lupulone and colupulone) and prenylflavonoids (xanthohumol) accumulate in the lupulin glands. Enzymes, which catalyzed biosynthesis of unique secondary metabolites in hop are chalcone synthases. There are five chalcone synthases in hop: chalcone synthase 1 (CHS_H1), chalcone synthase 2 (CHS2), chalcone synthase 3 (CHS3), chalcone synthase 4 (CHS4) and valerophenone synthase (VPS), which are encoded by genes *chs*_H1, *chs*2, *chs*3, *chs*4 and *vps*, respectively.

Functions of CHS2, CHS3 and CHS4 *in vivo* are not detected. There was described catalytic activity of CHS2 and CHS4 *in vitro* in synthase of 6-isobutyle -4hydroxy-2-pyrone. Functions of CHS3 are not detected.

Genes *chs*2, *chs*3 and *chs*4 are not annotated.

Polymorphism of introns of these genes was detected in 68 varieties of world hop collection. There were detected 4 individual introns of gene *chs*2 with sizes 240, 260. 460 and 480 bp.; 1 intron of gene *chs*3 with size 217 bp.; 1 intron of gene *chs*4 with size 207 bp.

In current work genes *chs*2, *chs*3 and *chs*4 were annotated by UGENE program using the nucleotide sequences from National centre of biotechnology information. There were detected 2 exons and intron in gene *chs*2, 2 exons and intron in gene *chs*3 and promoter, 2 exons, intron and 3’untranslation region in gene *chs*4. There were described sizes of each part of each studied gene.

Polymorphism of nucleotide sequences of *chs*2 and *chs*4 genes was detected using MEGA program. Gene *chs*4 wasn’t studied before, as there was 1 sequence in database. Single nucleotide polymorphism in studied sequences was detected. Polymorphism of introns of *chs*2, *chs*3 and *chs*4 genes was studied in 20 varieties of Ukrainian hop samples from the collection of Institute of Polesie Agriculture by polymerase chain reactions (PCRs).

There were detected 3 amplicones (with sizes 230, 237 and 240 bp., respectively) by PCR with the primers to intron of gene *chs*2.

Intron of *chs*3 gene was shown to be conservative in length with the size of 232 bp.

Intron of *chs*4 gene was shown to be conservative in length with the size of 223 bp.

All detected amplicons were not described before.

Polymorphism information content (PIC) for each region was evaluated.
In addition, in Ukrainian hop collection samples the level of *chs*2 intron polymorphism is smaller than in world hop collections. Introns of genes *chs*3 and *chs*4 are conservatives in length but with different sizes than in world hop collection. Ukrainian hop samples have complex hybrid origin, in their genealogy the europian and american germplasms are presented.
The result of relative bioinformatic and molecular-genetic studying is reported to need for sequencing of genes *chs*2, *chs*3 and *chs*4 in Ukrainian varieties and replenishment of database to enable the development of functional molecular markers for breeding of this important crop.
Key words: Hop, chalcone synthase, polymorphism, chs2, chs3 and chs4 genes.

ВСТУП

Хмелярство – важлива складова сільського господарства багатьох країн світу, у тому числі України [1]. Його продукцію використовують традиційно для пивоваріння, але завдяки наявності унікальних біоактивних компонентів хміль використовується також у харчовій, медичній, фармакологічній промисловості [2].

Хміль європейський, або звичайний *Humulus lupulus* L., який має найбільше виробниче значення, відноситься до роду *Humulus* L. родини *Cannabaceae*. Серед усіх сполук, які присутні в шишках, найважливішими є гіркі речовини: поліфеноли та гіркі кислоти, завдяки яким хміль став основною сировиною в пивоварному виробництві.

Шляхи біосинтезу гірких речовин хмелю вивчено не повністю. Ключовими ферментами синтезу багатьох гірких речовин є халконсинтази, що робить актуальним їх вивчення, а також дослідження генів, що їх кодують.

У хмелю звичайного існують п’ять видів халконсинтаз – халконсинтаза 1 (CHS_H1), халконсинтаза 2 (CHS2), халконсинтаза 3 (CHS3), халконсинтаза 4 (CHS4) та валерофенонсинтаза (VPS), що кодуються генами *chs*_H1, *chs*2, *chs*3, *chs*4 та *vps*, відповідно [3].

Показана відсутність каталітичної активності CHS2, CHS3 та CHS4 у синтезі прекурсорів гірких кислот гуму лону і лупулону та поліфенолу ксантогумолу, проте *in vitro* відома активність CHS2 та CHS4 у синтезі 6-ізобутил-4гідрокси-2-пірону, при цьому активність CHS4 менша за активність CHS_H1, але більша за CHS2 [4]. Функції CHS3 невідомі. Можливо, ферменти CHS2, CHS3 та CHS4 каталізують синтез інших прекурсорів гірких та ароматичних речовин [3].

Огляд літератури виявив нечисельні дослідження поліморфізму генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4, до того ж 10-річної давнини. Ці гени повністю не анотовані, праймери добрано тільки до інтронів даних генів. Тому мета нашого дослідження полягала в молекулярно-генетичному та біоінформатичному аналізі поліморфізму генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 хмелю звичайного в сортах вітчизняної селекції та нуклеотидних послідовностей із бази даних Національного центру біотехнологічної інформації (National centre of biotechnology information, NCBI), анотації цих генів та порівняльному аналізі поліморфізма цих генів у сортів хмелю звичайного української селекції та інших виборок сортів світової колекції.

МАТЕРІАЛИ ТА МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Матеріалом досліджень слугували 20 сортів хмелю звичайного селекції Інституту сільського господарства Полісся НААН: Альта, Видибор, Гайдамацький, Житомирський 75, Заграва, Зміна, Клон 18, Ксанта, Кумир, Надія, Назарій, Оболонський, Оскар, Пивовар, Поліський, Полісянка, Промінь, Славянка, Хмелеслав, Чаклун. Сорт Гайдамацький – триплоїдний, решта – диплоїдні [1]. Матеріал люб’язно наданий Інститутом сільського господарства Полісся НААН.

ДНК виділяли з фрагментів листя за методом [5]. Полімеразні ланцюгові реакції (ПЛР), електрофоретичний розподіл ПЛР-фрагментів у 10 % ПАА гелях та їх візуалізація – за загальноприйнятими методиками.

Таблиця 1 – Інформація щодо праймерів для дослідження поліморфізму генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 хмелю звичайного [6]

Праймер		Досліджуваний локус
назва	послідовність (5'→ 3')	
CHS23F	tcaagaccactggagaaggac	Інтрон гена *chs*2
CHS2R	caagctgattatcctgactactac	
CHS23F	tcaagaccactggagaaggac	Інтрон гена *chs*3
CHS3R	cttcgctcaagaccaggtgacg	
CHS4F	caagctgattttcctgactactat	Інтрон гена *chs*4
CHS4R	cttcggtcaagtacaggtgacg	

Довжини продуктів ампліфікації розраховували за допомогою системи документації й аналізу гелів «Image Master VDS» («AmershamPharmacia Biotech», Велика Британія) згідно з інструкцією користувача.

Індекс поліморфності (polymorphism information content, PIC) розраховували для кожного локусу за формулою «одиниця мінус сума квадратів частот алелів у популяції» [7]. Для визначення щільності ДНК у ПАА гелі використовували програму «Gel–Analyzer 200».

Матеріалом біоінформатичних досліджень слугували три нуклеотидні послідовності гена *chs*2 та дві нуклеотидні послідовності гена *chs*4 хмелю звичайного, отриманих з бази даних NCBI. В NCBI є лише одна нуклеотидна послідовність гена *chs*3, тому її поліморфізм дослідити неможливо. Вирівнювання проводили за алгоритмом Clustal W програми «MEGA version 5» [8]. Анотацію генів проводили за програмою UGENE.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ЇХ ОБГОВОРЕННЯ

Біоінформатичний аналіз генів chs2, chs3 та chs4 хмелю звичайного. У дослідженні використовували нуклеотидні послідовності з бази даних NCBI гена *chs*2 AB061020 (повний сиквенс), AB061021, FJ554586 (мРНК); гена *chs*3 AB061022; гена *chs*4 AJ430353 (повний сиквенс), FJ554587 (мРНК) .

Схеми анотованих генів відображені на рис.1.

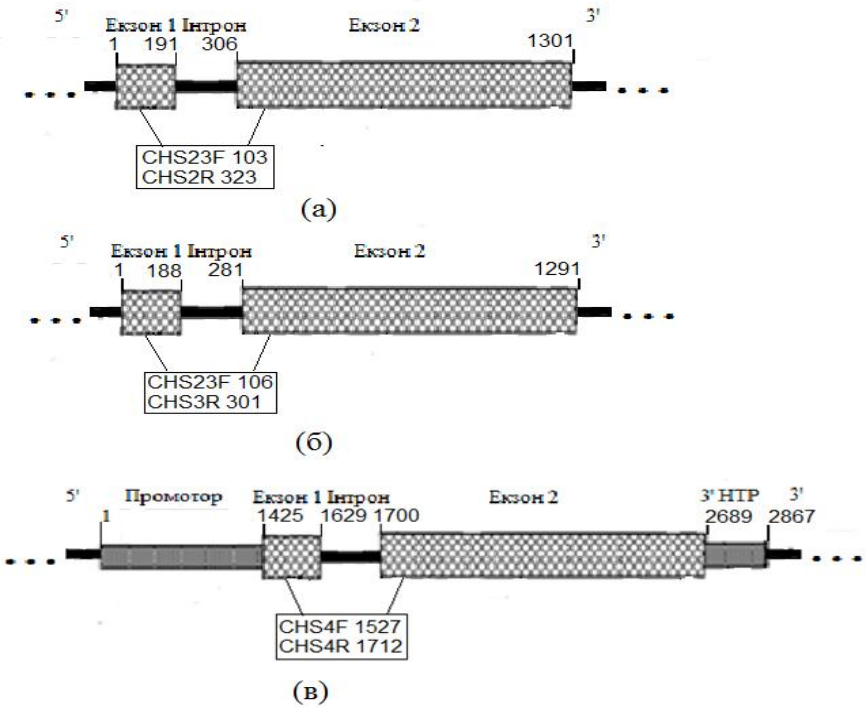

Рис. 1. Схеми організації генів хмелю звичайного: *chs*2 (позиції 1-1301), відповідно послідовності AB061020 (а); *chs*3 (позиції 1– 1291), відповідно послідовності AB061022; *chs*4

(позиції 1-2867), відповідно послідовності AJ430353. 3’-НТР – 3’-кінцевий нетранслюємий регіон. У прямокутниках позначено праймери та позиції сайту праймування.

За результатами вирівнювання (рис. 2–3) встановлено, що екзони генів *chs*2 та *chs*4 є консервативними за довжиною. Їхній поліморфізм пов'язаний з однонуклеотидними замінами (інделями). Дослідити поліморфізм інших ділянок цих генів неможливо через відсутність у базі відповідних нуклеотидних послідовностей. Молекулярно-генетичний аналіз цих генів за допомогою ПЛР із наведеними парами праймерів дозволяє виявити поліморфізм довжин інтронів цих генів.

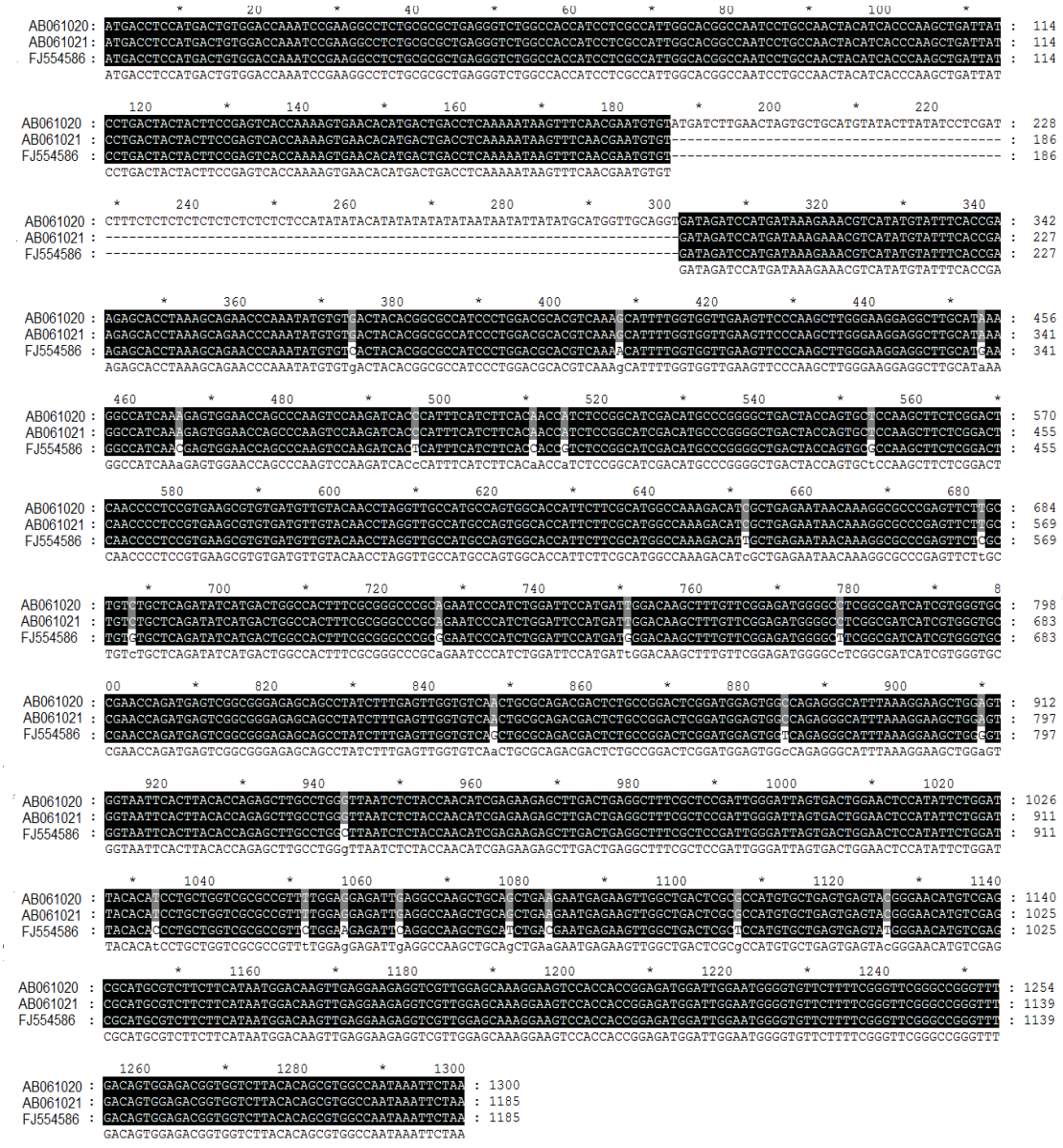

Рис. 2. Вирівнювання нуклеотидних послідовностей гена *chs*2. Чорним кольором виділено консервативні ділянки

*Молекулярно-генетичний аналіз генів chs*2, *chs*3 та *chs*4 хмелю звичайного. Для дослідження поліморфізму генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 проведено ПЛР-аналіз інтронів цих генів. На рис. 1 наведено схеми цих генів та сайти праймування для використаних у цьому дослідженні праймерів.

У табл. 2– 3 узагальнено дані щодо поліморфізму інтронів генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 у вибірці сортів хмелю звичайного української селекції.

За даними досліджень для європейського дикого хмелю характерною є низька варіабельність [9]. При дослідженні інтрона гена *chs*2 у вибірці 68 сортів хмелю світової колекції виявлено чотири амплікони довжиною 240, 260, 460 та 480 п.н. [6]. Найбільш високочастотним є амплікон довжиною 240 п.н.

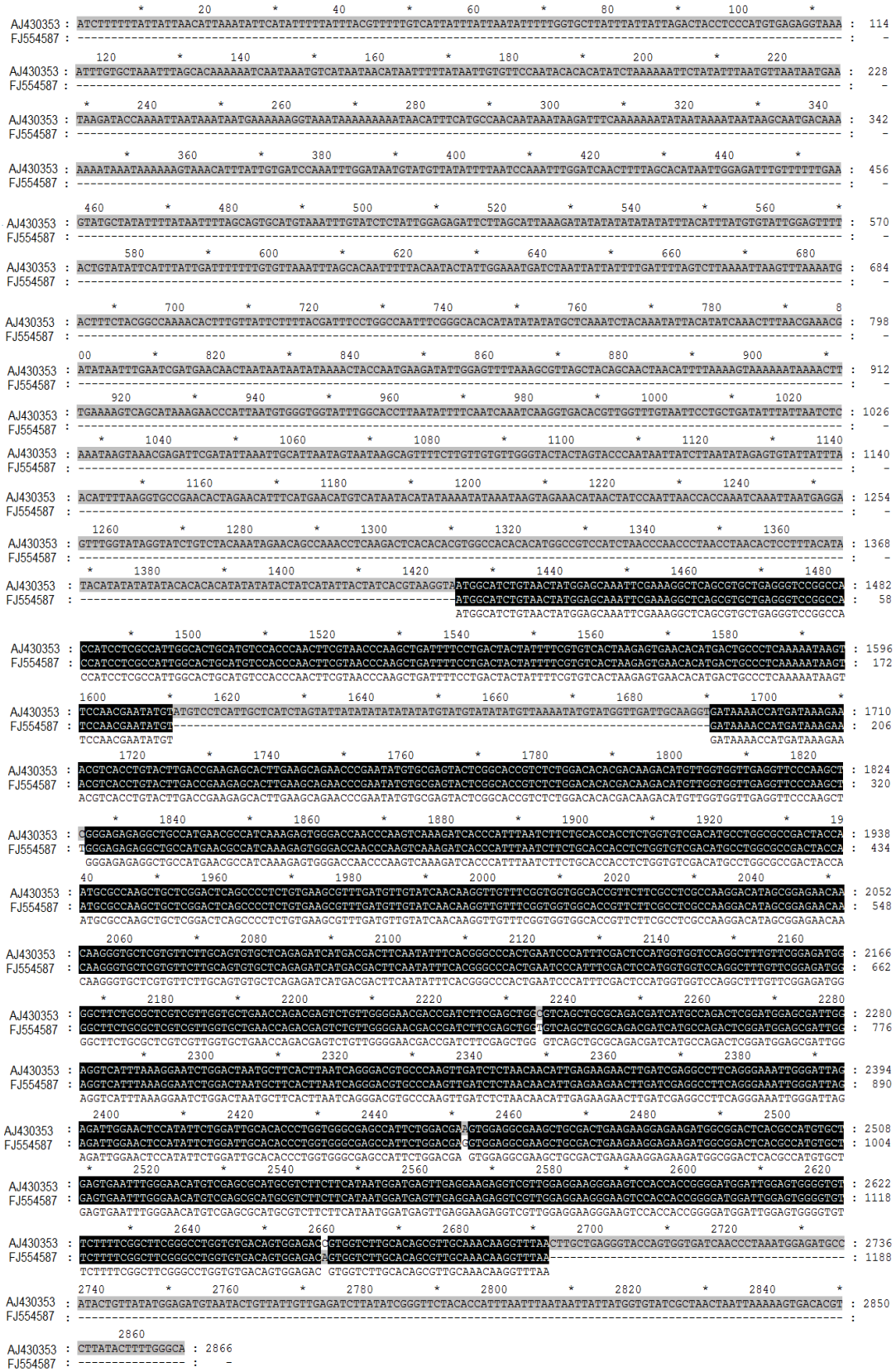

Рис. 3. Вирівнювання нуклеотидних послідовностей гена *chs*4. Чорним кольором виділено консервативні ділянки.

Таблиця 2 – Поліморфізм інтронів генів chs2, chs3 та chs4 у сортів хмелю звичайного української селекції

Назва сортів	Результати ПЛР-аналізу з парами праймерів		
	CHS23F +CHS2R	CHS23F + CHS3R	CHS4F + CHS4R
	Довжина фрагмента ампліфікації, п.н.		
Альта	230, 240	232, 232	223, 223
Промінь	230, 230	232, 232	223, 223
Заграва	237, 237	232, 232	223, 223
Видибор	237, 237	232, 232	223, 223
Гайдамацький	237, 237, 237	232, 232, 232	223, 223, 223
Назарій	230, 240	232, 232	223, 223
Надія	230, 230	232, 232	223, 223
Поліський	230, 240	232, 232	223, 223
Полісянка	237, 237	232, 232	223, 223
Оскар	237, 237	232, 232	223, 223
Пивовар	237, 237	232, 232	223, 223
Клон 18	237, 237	232, 232	223, 223
Оболонський	230, 240	232, 232	223, 223
Славянка	237, 237	232, 232	223, 223
Хмелеслав	237, 237	232, 232	223, 223
Кумир	230, 230	232, 232	223, 223
Чаклун	230, 240	232, 232	223, 223
Ксанта	230, 230	232, 232	223, 223
Житомирський 75	237, 237	232, 232	223, 223
Зміна	230, 240	232, 232	223, 223

Таблиця 3 – Частоти зустрічальності фрагментів ампліфікації інтронів генів chs2, chs3 та chs4 у сортів хмелю звичайного української селекції

Ділянка гена	Фрагмент ампліфікації		PIC
	довжина, п. н.	частота зустрічаємості	
Інтрон гена *chs*2	230	0,34	0, 593
	237	0,51	
	240	0,15	
Інтрон гена *chs*3	232	1	0
Інтрон гена *chs*4	223	1	0

Встановлено меншу кількість фрагментів ампліфікації інтрона гена *chs*2 при дослідженні 20 сортів української селекції, а також фрагменти іншої довжини при порівнянні з результатами досліджень 68 сортів світової селекції. Однаковим для обох вибірок був 240 п.н.-фрагмент, який визначено як найчастотніший у дослідженні світової колекції хмелю [6]. У цьому аналізі українських сортів найбільш високочастотним є фрагмент довжиною 237 п.н.

При дослідженні поліморфізму довжин інтронів генів *chs*3 та *chs*4 у вибірці 68 сортів хмелю звичайного світової колекції виявлено амплікони довжиною 217 та 207 п.н., відповідно. При дослідженні поліморфізму довжин інтронів генів *chs*3 та *chs*4 у 20 сортів хмелю звичайного української селекції виявлені амплікони довжиною 232 та 223 п.н., відповідно. Отже, поліморфізм інтронів генів *chs*3 та *chs*4 відсутній як у виборці сортів світової колекції, так і серед українських сортів.

Отримання нуклеотидних послідовностей генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 у сортів хмелю звичайного нових виборок дозволяє детальніше дослідити поліморфізм цих генів та виявити у них можливі нові поліморфні регіони.

ВИСНОВКИ

1. Проведено молекулярно-генетичний та біоінформатичний аналіз поліморфізму генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 хмелю звичайного в сортах вітчизняної селекції та нуклеотидних послідовностей із бази даних NCBI,
2. У вибірці сортів української селекції встановлено менший рівень поліморфізму інтрона гена *chs*2 у порівнянні з іншими вибірками сортів, а гени *chs*3 та *chs*4 є також консервативними, але іншої довжини, ніж вказувалося в інших відкритих літературних даних. Слід зазначити, що українські сорти мають складне гібридне походження (багатоступеневе), у їхніх родоводах присутня європейська, і американська зародкові плазми [1].
3. Проведена анотація генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 .
4. Результати порівняльного аналізу даних біоінформатичного та молекулярно-генетичного досліджень свідчать про необхідність секвенування генів *chs*2, *chs*3 та *chs*4 українських сортів та поповнення бази даних NCBI для можливості розроблення функціональних молекулярних маркерів для селекції цієї важливої сільськогосподарської культури.

ЛІТЕРАТУРА

1. Каталог сортів хмелю, дозволених для поширення в Україні / [Штанько І. П., Шабликін В. В., Михайліченко К. П. та інш.]. – Житомир: ККГВ «Полісся», 2010. – 68 с.
2. Chadwick L. The pharmacognosy of *Humulus lupulus* L. (hops) with an emphasis on estrogenic properties / L. R. Chadwick, G. F. Pauli, N. R. Farnsworth // Phytomedicina – 2006. – V. 13. – P. 119–131.
3. Schröder J. A family of plant-specific polyketide synthases: facts and predictions / J. Schröder // Trends in plant science. – 1997. – V. 2 (10). – P. 373-378.
4. Purification and some properties of chalcone synthase from a carrot suspension culture induced for anthocyanin synthesis and preparation of its specific antiserum / [OzekiY., Sakano K., KomamineA. et al.] // J. Biochem. – 1985. – V. 98 (1). – P. 9-17.
5. Construction of gene expression system in hop (*Humulus lupulus*) lupulin gland using valerophenone synthase promoter / [OkadaY., SaekiK., Inaba A. et al.] // Plant Physiol. – 2003. – V. 160. – P. 1101-1108.
6. Patzak J. New STS molecular markers for assessment of genetic diversity and DNA fingerprinting in hop (*Humulus lupulus* L.) / J. Patzak, l. Vrba, J. Matousek // Genome. – 2007. – V. 50. – P. 15-25.
7. Botstein D. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein, R. L. White, M. Skolnick, R. W. Davis // *A*mer. J. Hum. Genet. – 1980. – V. 32. – P. 314–331.
8. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods / [Tamura K., PetersonD., PetersonN et al.] // Molecular Biology and Evolution. – 2011. – V. 28 (10). – P. 2731-2739.
9. Molecular phylogeny of wild hops, *Humulus lupulus* L. / [Murakami A., Darby P., Javornik B. et al.] // Heredity. – 2006. – V. 97, № 1. – P. 66–74.

REFERENCES

1. Shtanko I. P. Katalog sortiv khmelyu, dozvolenykh dlya poshyrennya v Ukrayini / Shtanko I. P., Shablykin V. V., Mikhaylychenko K. P., Yurkivskiy Y. P., Lyashenko M. I., Protsenko L. V. / Zhytomyr: KKGV "Polissya", 2010. – 68 p.
2. Chadwick L. The pharmacognosy of *Humulus lupulus* L. (hops) with an emphasis on estrogenic properties / L. R. Chadwick, G. F. Pauli, N. R. Farnsworth // Phytomedicina - 2006. – V. 13. – P. 119–131.
3. Schröder J. A family of plant-specific polyketide synthases: facts and predictions / J. Schröder // Trends in plant science. – 1997. – V. 2 (10). – P. 373-378.
4. Purification and some properties of chalcone synthase from a carrot suspension culture induced for anthocyanin synthesis and preparation of its specific antiserum / [OzekiY., Sakano K., KomamineA. et al.] // J. Biochem. – 1985. – V. 98 (1). – P. 9-17.
5. Construction of gene expression system in hop (*Humulus lupulus*) lupulin gland using valerophenone synthase promoter / [OkadaY., SaekiK., Inaba A. et al.] // Plant Physiol. – 2003. – V. 160. – P. 1101-1108.
6. Patzak J. New STS molecular markers for assessment of genetic diversity and DNA fingerprinting in hop (*Humulus lupulus* L.) / J. Patzak, l. Vrba, J. Matousek // Genome. – 2007. – V. 50. – P. 15-25.
7. Botstein D. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms / D. Botstein, R. L. White, M. Skolnick, R. W. Davis // Amer. J. Hum. Genet. – 1980. – V. 32. – P. 314–331.
8. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods / [Tamura K., PetersonD., PetersonN et al.] // Molecular Biology and Evolution. – 2011. – V. 28 (10). – P. 2731-2739.
9. Molecular phylogeny of wild hops, *Humulus lupulus* L. / [Murakami A., Darby P., Javornik B. et al.] // Heredity. – 2006. – V. 97, № 1. – P. 66–74.

УДК 633.853.478 : 575.2:632.112

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ НЕКОТОРЫХ МУТАНТНЫХ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА КУЛЬТУРНОГО

Тоцкий И.В., Лях В.А.

Запорожский национальный университет,

69600, Украина, Запорожье, ул. Жуковского, 66.

igor.totsky@gmail.com

Изучена засухоустойчивость пяти новых мутантных линий подсолнечника. Установлено, что по засухоустойчивости, определённой на основе угнетении роста проростков, лучшей является линия «обожжённый лист». Также было показано, что худшей линией являлся мутант «дихотомическое жилкование». Линии «*xantha*», «*virescent*» и «карлик» занимают промежуточное положение по данному признаку. При этом мутант «карлик» имеет более высокие показатели, чем две другие линии. Родительские компоненты гибридов первого поколения комбинаций скрещивания «дихотомическое жилкование» × «*xantha*», «*xantha*» × «дихотомическое жилкование», «*virescent*» × «дихотомическое жилкование» и «дихотомическое жилкование» × «обожжённый лист» являются контрастными по засухоустойчивости на стадии проростков.

Ключевые слова: подсолнечник культурный, мутант, засухоустойчивость, проросток.

ВИЗНАЧЕННЯ ПОСУХОСТІЙКОСТІ ДЕЯКИХ МУТАНТНИХ ЛІНІЙ СОНЯШНИКА КУЛЬТУРНОГО

Тоцький І.В., Лях В.О.

Запорізький національний університет,

69600,Україна, Запоріжжя, вул. Жуковського, 66

igor.totsky@gmail.com

Вивчена посухостійкість п'яти мутантних ліній соняшника. Встановлено, що за посухостійкістю, яка визначена на основі пригнічення росту проростків, кращою є лінія «обпалений лист». Також було