

УДК 631.523:633.39

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ КОЛЕКЦІЇ ЗЕРНОВИХ ВИДІВ АМАРАНТУ ЗА МОРФОЛОГІЧНИМИ, БІОХІМІЧНИМИ І МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИМИ ОЗНАКАМИ

© 2013 р. С. В. Лиманська

*Харківський національний аграрний університет ім. В.В. Докучаєва
(Харків, Україна)*

Проведено аналіз генетичної дивергенції колекції п'яти видів амаранту за різними типами маркерів. Відзначено генетичну близькість зернових видів амаранту. Значення генетичних відстаней варіювало в межах 0,0362 – 1,0504 за морфологічними ознаками, 0,0011 – 0,0276 за ізоферментами, від 0,0009 до 0,0141 за RAPD локусами і в межах 0,0018 – 0,0113 за ISSR-маркерами. Проведено кластерний аналіз, який дозволив розподілити колекційні зразки амаранту в 2-3 кластери, залежно від типу маркерної системи. Основним фактором групування була видова належність. Підтверджено монофілетичну гіпотезу походження зернових видів амаранту. З використанням чотирьох типів маркерів побудовано чотири філогенетичні дерева. За результатами порівняння їх топології відзначено недостатню диференційну здатність ізоферментів і високу інформативність ISSR-маркерів. Аналіз консенсусного дерева філогенетичних взаємовідносин дозволив встановити значний вплив морфологічної і ISSR-ДНК мінливості на загальний рівень поліморфізму генотипів амаранту та ступінь їхньої генетичної дивергенції.

Ключові слова: *Amarantus caudatus L., A. cruentus L., A. hybridus L., A. hypochondriacus L., A. mantegazzianus Passer., генетичні маркери, генетична дивергенція, філогенетичне дерево, диференціація*

З'ясування філогенетичних взаємовідносин між таксономічними одиницями і окремими популяціями рослин сприяє розумінню процесів формотворення, які в них відбуваються, дає уявлення про генетичну дивергенцію рослинних організмів, яка склалася під впливом різних еволюційних факторів. В практичному сенсі це дозволяє оцінити рівень генетичної спорідненості окремих таксономічних груп і є передумовою ефективного планування віддаленої і близькоспорідненої гібридизації. Водночас, вивчення філогенетики рослин сприяє вирішенню суперечливих питань систематики, що є актуальним для роду *Amarantus L.* (Williams, Brenner, 1995; Гопцій, 1999).

З 60-х років ХХ ст. з'явилися роботи, присвячені вивченню генетичної дивергенції та родинних відносин між зерновими видами амаранту і їх дикими попередниками з викори-

станням морфологічних, біохімічних і молекулярно-генетичних дескрипторів. Так, Sauer (1967; 1976), за результатами досліджень морфологічних особливостей з одного боку та географічного розповсюдження амарантів з іншого, запропонував два альтернативні шляхи появи зернових видів амаранту. За поліфілетичною гіпотезою утворення видів *A. cruentus L., A. caudatus L.* і *A. hypochondriacus L.* відбувалося незалежно один від одного із різних предкових форм в різних географічних регіонах: *A. cruentus L.* утворився від *A. hybridus L.* в Центральній Америці, *A. caudatus L.* – від *A. quitensis L.* в Південній Америці, *A. hypochondriacus L.* виник з *A. powellii L.* в Мексиці. Монофілетична гіпотеза постулює процес первинної доместикації *A. cruentus L.* від *A. hybridus L.* в Центральній Америці. Появу видів *A. caudatus L.* і *A. hypochondriacus L.* автор пов'язує з переzapиленням, відповідно, *A. cruentus L.* і *A. quitensis L.* на півдні та *A. cruentus L.* і *A. powellii L.* на півночі. Тобто *A. hybridus L.*, імовірно, є попередником усіх трьох зернових видів амаранту. В подальшому

Адреса для кореспонденції: Лиманська Світлана Василівна, Харківський національний аграрний університет ім. В.В. Докучаєва, п/в «Комуніст-1», Харків, 62483, Україна; e-mail: svetik_svg@mail.ru

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ КОЛЕКЦІЇ ЗЕРНОВИХ ВИДІВ АМАРАНТУ

різні групи вчених, вивчаючи цю проблему, одержували суперечливі результати (Kulakow et al., 1985; Greizerstein, Poggio, 1994; Lanoue et al., 1996; Chan, Sun, 1997), які підтверджували одну з двох гіпотез. Однак до тепер консенсусного рішення не знайдено і це питання залишається відкритим.

А.В. Железнов з співавторами (Железнов и др., 1995; Zheleznov et al., 1997) за допомогою електрофорезу альбумінів і глобулінів в ПААГ довели філогенетичну спорідненість *A. paniculatus* L. та *A. hybridus* L. Автори відзначають зв'язок між цими двома видами та *A. lividus* L., а також спорідненість видів *A. powellii* L. і *A. deflexus* L., *A. cruentus* L. й *A. hypochondriacus* L., *A. cruentus* L. і *A. edulis* L.

Застосування молекулярно-генетичних методів аналізу (RAPD, ISSR, SSR) дозволило довести, що зернові види амаранту (*A. hypochondriacus* L., *A. caudatus* L., *A. cruentus* L.) характеризуються високим рівнем генетичної подібності (Ranade et al., 1997; Mandal, Das, 2002; Mallory et al., 2008).

Проте, незважаючи на певні досягнення у вивченні філогенетики амаранту залишається багато невирішених питань. Зокрема, через суперечливість даних виникає необхідність подальшого вивчення взаємовідносин між зерновими видами роду *Amaranthus* L. Не знайдено інформації щодо диференційної спроможності ізоферментних маркерів у дослідженні гене-

тичної дивергенції різних таксономічних одиниць цієї рослини. Водночас існування великої кількості дескрипторів викликає потребу оцінки їх ефективності при вивченні генетичного різноманіття та диференціації генотипів рослин, в тому числі й амаранту. Вирішенню значених проблем присвячена дана робота.

Метою роботи було вивчення родинних взаємовідносин між зерновими видами амаранту; порівняння диференційної здатності морфологічних, ізоферментних і молекулярно-генетичних дескрипторів, оцінка їх ефективності для дослідження генетичної дивергенції рослинного матеріалу.

МЕТОДИКА

Рослинний матеріал представлено 18 зразками амаранту, серед яких вісім сортів української і зарубіжної селекції та 10 селекційних номерів. Досліджувані зразки належать до п'яти зернових видів роду *Amaranthus* L. (*A. hypochondriacus* L., *A. caudatus* L., *A. cruentus* L., *A. hybridus* L., *A. mantegazzianus* Passer.) та мають різне еколого-географічне походження (таблиця).

Зразки 00038, 00039, 00050, 00079, 00087, 00097, 00110, Багряний і Кармен надано Устимівською дослідною станцією Інституту рослинництва ім. В.Я. Юр'єва. Сорти Вогняна кулька, Лера, Роганський, Студентський, Харківський-1 і Ультра створено на кафедрі генетики, селекції і насінництва Харківського на-

Характеристика колекції амаранту за походженням

№ за каталогом НЦГРРУ	Назва зразка	Вид	Країна походження
-	К-61	<i>A. hypochondriacus</i> L.	США
UJ 5200066	00110	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200055	00038	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200170	К-146	<i>A. caudatus</i> L.	Німеччина
UJ 5200071	00039	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200096	00050	<i>A. hypochondriacus</i> L.	
UJ 5200001	Багряний	<i>A. cruentus</i> L.	Росія
UJ 5200062	00087	<i>A. caudatus</i> L.	
-	К-22	<i>A. hypochondriacus</i> L.	Індія
UJ 5200043	00079	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200069	00097	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200122	Кармен	<i>A. cruentus</i> L.	Україна
UJ 5200172	Студентський	<i>A. hypochondriacus</i> L.	
UJ 5200111	Вогняна кулька	<i>A. mantegazzianus</i> Passer.	
UJ 5200112	Ультра	<i>A. hybridus</i> L.	
UJ 5200113	Роганський	<i>A. caudatus</i> L.	
UJ 5200171	Лера	<i>A. hypochondriacus</i> L.	
UJ 5200110	Харківський-1	<i>A. hypochondriacus</i> L.	

ціонального аграрного університету ім. В.В. Докучаєва. Колекційні номери К-22, К-61 і К-146 отримано у Всеросійському інституті рослинництва ім. М.І. Вавилова. В даній колекції зразки розрізняються за ознаками, які мають господарське значення (маса 1000 насінин, тривалість вегетаційного періоду, висота рослин, вміст олії в насінні тощо), а також за фенотиповими особливостями (колір насінневої оболонки, форма і забарвлення суцвіття і листя тощо).

Оцінку генетичної дивергенції колекційних зразків проводили за морфологічними (забарвлення, густина, щільність, тип, положення волоті; основне забарвлення і тип плямистості листя; тип насінини, тип ендосперму), господарськими (висота рослин; довжина волоті; довжина і ширина листкової пластинки, листовий індекс; продуктивність волоті, маса 1000 насінин, урожайність насіння), біохімічними (ізозимна мінливість малік-ензиму, НАД-залежної малатдегідрогенази, 6-фосфоглюконатдегідрогенази, алкогольдегідрогенази, анодної естерази, аспартатамінотрансферази, шикіатдегідрогенази, глюкозо-6-фосфатдегідрогенази) та молекулярно-генетичними ознаками (118 локусів, ідентифікованих за допомогою 10 RAPD праймерів і 85 локусів, виявлених за допомогою семи ISSR праймерів).

Методику проведення польових (закладання досліду, оцінка мінливості кількісних і якісних морфологічних ознак) і лабораторних дослідів (екстракція ізоферментів, виділення і ампліфікація ДНК, електрофорез екстрагованих ферментів і продуктів ампліфікації, візуалізація ізоферментних, RAPD і ISSR спектрів) детально описано нами в попередніх працях (Лиманская и др, 2010; Лиманская, 2012а; 2012б; Лиманская, Гопций, 2013).

Дивергенцію між зразками амаранту оцінювали шляхом розрахунку генетичних дистанцій (D) Nei (1978) при використанні морфологічних і ізоферментних дескрипторів і Nei, Li (1979) при молекулярно-генетичному аналізі. Кластерний аналіз проводили методом приєднання найближчих сусідів (Neighbor-joining, NJ).

Розрахунок генетичних відстаней, а також побудову філогенетичних дерев проводили за допомогою пакета програм Phylip 3.69. Достовірність отриманих дендрограм перевіряли за допомогою бутстреп-аналізу у 1000-разовому повторенні.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ОБГОВОРЕННЯ

За результатами оцінки генетичної дивергенції колекційних зразків амаранту з використанням різних типів дескрипторів встановлено, що зразки, які належать до однієї таксономічної одиниці, характеризуються значною генетичною близькістю. Так, мінімальну генетичну відстань ($D_s=0,0362$) за результатами аналізу мінливості морфологічних і господарських ознак виявлено між зразками 00039 і 00097 виду *A. hybridus* L. За результатами RAPD-аналізу, максимальною спорідненістю виявились зразки 00038 і 00110 виду *A. hybridus* L. ($D_{ij}=0,0009$). Оцінка поліморфізму міжмікросателітних послідовностей (ISSR) показала мінімальний рівень генетичної дивергенції між зразками виду *A. hypochondriacus* L. К-61 і Харківський-1 (D_{ij} 0,0018). При вивченні алозимної мінливості колекції амаранту максимальною спорідненістю відзначилися зразки, що належать до різних таксономічних одиниць: популяції 00087 (*A. caudatus* L.) і К-22 (*A. hypochondriacus* L.). У всіх інших випадках зразки різних видів характеризувалися відносно високим ступенем генетичної дивергенції. При цьому за трьома маркерними системами максимальне значення генетичної відстані встановлено між зразками видів *A. caudatus* L. і *A. hybridus* L.: між К-146 і 00079 – за морфологічною і алозимною мінливістю ($D_s=1,0504$ і $0,0276$, відповідно), між К-146 і 00039 – за ISSR-маркерами ($D_{ij}=0,0113$). RAPD-аналіз показав максимальний рівень дивергенції між зразками Харківський-1 (*A. hypochondriacus* L.) і 00097 (*A. hybridus* L.). Зазначимо, що генетично віддалені популяції з контрастними градаціями морфологічних ознак, які вивчалися, можуть становити інтерес для створення віддалених гібридів амаранту з метою досягнення ефекту гетерозису.

За результатом філогенетичного аналізу колекції амаранту з використанням різних типів маркерних систем було побудовано чотири дендрограми (рис. 1-4). Топологію дерев детально розглянуто в наших попередніх публікаціях (Лиманская, 2012а; 2012б; Лиманская, Гопций, 2013). Однак зазначимо, що отримані дерева філогенетичних взаємовідносин характеризувалися певними відмінностями і спільними рисами. Так, з використанням морфологічних, біохімічних і ISSR маркерів колекційні зразки розподілено в три кластери, з RAPD-маркерами – в два основні блоки і одну відокремлену гілку, в межах якої розташовано три зразки виду *A. hybridus* L. (00038, 00110 і сорт Ультра). Основним критерієм розподілу за всіма маркерними системами

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ КОЛЕКЦІЇ ЗЕРНОВИХ ВИДІВ АМАРАНТУ

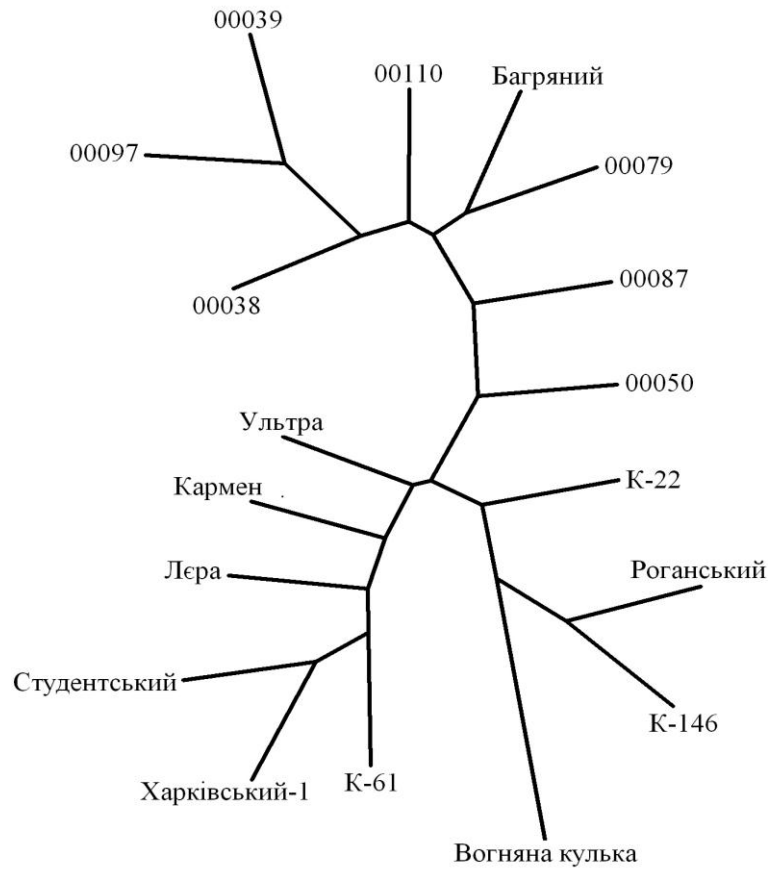


Рис. 1. Дендрограма філогенетичних взаємовідносин між колекційними зразками, отримана за результатами аналізу морфологічної мінливості амаранту.

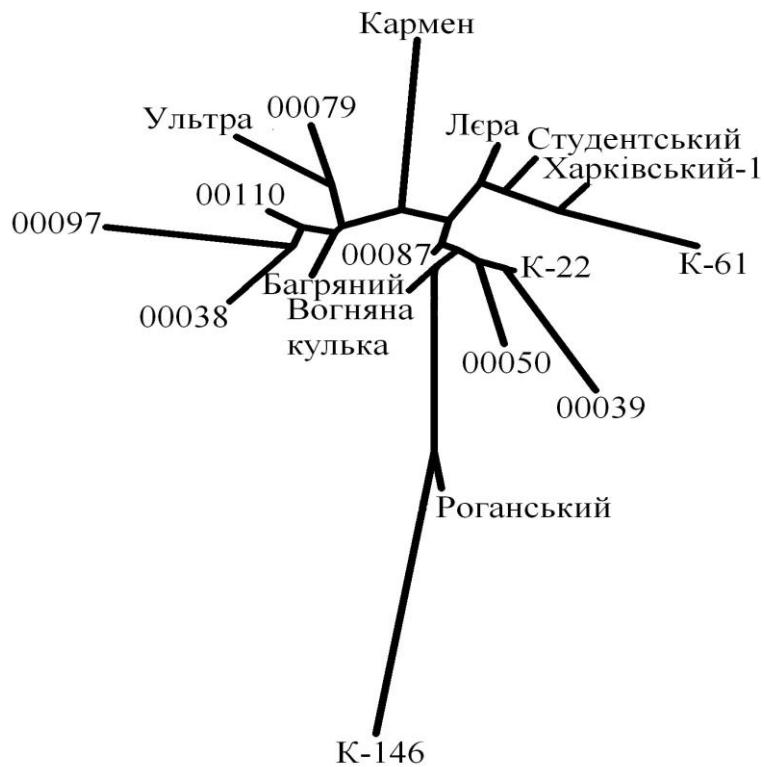


Рис. 2. Дендрограма філогенетичних взаємовідносин між колекційними зразками, отримана за результатами аналізу алозимної мінливості амаранту.

ЛИМАНСЬКА

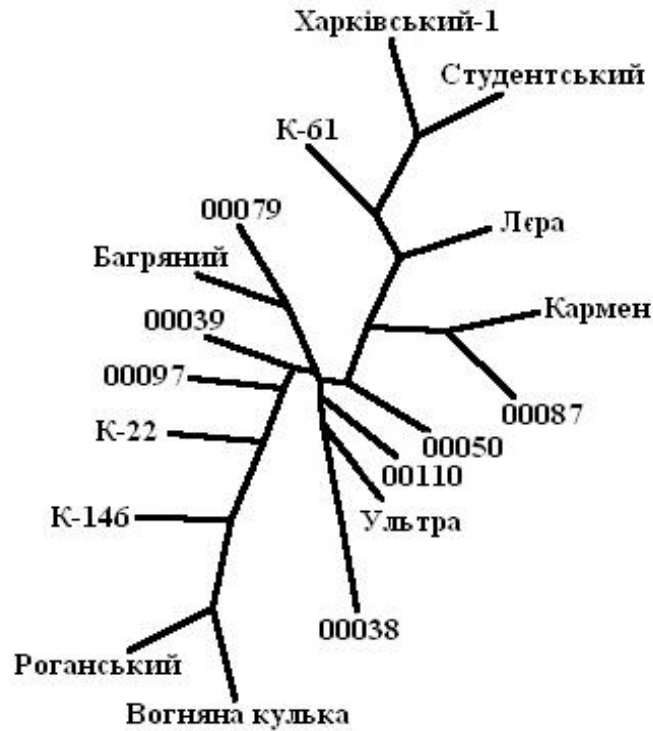


Рис. 3. Дендрограма філогенетичних взаємовідносин між колекційними зразками амаранту за результатами RAPD-аналізу.

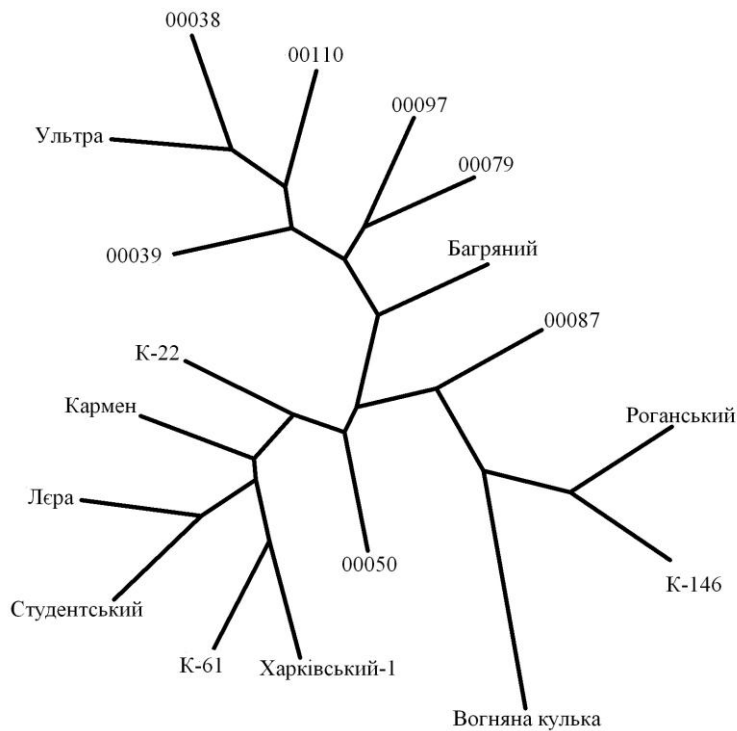


Рис. 4. Дендрограма філогенетичних взаємовідносин колекції амаранту за результатами ISSR-аналізу.

була видова приналежність, а за морфологічними ознаками також особливості суцвіття (збарвлення, густина, щільність, положення) і на-

сіння (тип, колір, тип ендосперму). При цьому на топології всіх отриманих дерев виділялося три основні блоки зразків:

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ КОЛЕКЦІЇ ЗЕРНОВИХ ВИДІВ АМАРАНТУ

1) Група виду *A. hybridus* L., в яку найбільш розподілялись зразки 00079 і 00097. Зразки 00038, 00039, 00110 і сорт Ультра ідентифіковано в даному кластері за трьома типами маркерів. При цьому четвертий тип забезпечував перерозподіл одного із зазначених зразків в інший блок. Також за всіма типами маркерів в дану групу розподілявся сорт Багрянний (*A. cruentus* L.).

2) Група виду *A. hypochondriacus* L., постійними представниками якої були сорти Лера, Студентський, Харківський-1 і колекційний номер К-61. За трьома типами маркерів (морфологічні, RAPD і ISSR) в даний блок розподілявся сорт Кармен (*A. cruentus* L.).

3) Група виду *A. caudatus* L., яка включала зразок К-146, а також сорти Роганський і Вогняна кулька.

При цьому колекційні зразки, залежно від типу маркерної системи, виявляли більший або менший рівень генетичної подібності і утворювали на топології філогенетичних дерев відповідні вузли (рис. 1-4).

Зразки К-22, 00050 (*A. hypochondriacus* L.) і 00087 (*A. caudatus* L.), залежно від типу маркера, кластеризувалися в одну із трьох груп. Це характеризує дані популяції як високополіморфні за різними типами маркерів і визначає їх як найбільш перспективні для подальшої селекційної роботи.

Стабільний розподіл зразків виду *A. cruentus* L. в одну із груп – виду *A. hybridus* L. або виду *A. hypochondriacus* L. – може бути підтвердженням перехідного в еволюційному розумінні статусу даної таксономічної одиниці і свідчити на користь монофілетичної гіпотези походження зернових видів амаранту.

Сорт Вогняна кулька виду *A. mantegazzianus* Passer. за усіма типами маркерів розподілявся в кластер із зразками виду *A. caudatus* L. Цей факт може бути підтвердженням думки деяких авторів, що види *A. mantegazzianus* Passer. і *A. caudatus* L. є таксономічними синонімами (Гопцій, 1999).

Виділення зразків виду *A. hypochondriacus* L. за всіма типами дескрипторів у відносно консервативну групу, швидше за все, свідчить про значний рівень дивергенції даного виду щодо інших зернових видів амаранту. На думку зарубіжних вчених (Xu, Sun, 2001), вид *A. powellii* L. (передбачуваний попередник виду *A. hypochondriacus* L.) є найбільш генетично відокремленим порівняно з іншими

зерновими видами амаранту (*A. caudatus*, *A. cruentus*, *A. hypochondriacus*, *A. quitensis*, *A. hybridus*). Цей факт може бути поясненням певної відокремленості зразків *A. hypochondriacus* L. відносно інших зразків колекції.

В цілому представлені нами результати, отримані із залученням різних типів маркерів, підтверджують генетичну близькість досліджуваних видів амаранту (*A. caudatus* L., *A. cruentus* L., *A. hybridus* L., *A. hypochondriacus* L., *A. mantegazzianus* Passer.). Це може свідчити, що найбільш ймовірним сценарієм становлення зернових видів амаранта є спільний попередник, який дав початок доместикації інших форм.

Оцінка диференційної здатності чотирьох типів дескрипторів показала, що за морфологічними ознаками, мінливістю ізоферментів і поліморфізмом RAPD-локусів розподіл зразків в кластери був не чітким. Факт кластеризації у виділені групи зразків різної видової приналежності, різного еколого-географічного походження, з різною морфологією характеризує ці маркери як недостатньо інформативні. Найгіршою диференційною здатністю характеризувались ізоферментні системи, за якими більшменш чітко виділялась тільки група виду *A. hybridus* L., в яку крім зразків, що належать до даної таксономічної одиниці, увійшли також сорти Багрянний і Кармен виду *A. cruentus* L. (рис. 2). Група *A. hypochondriacus* L. включала тільки її типові зразки, а третій кластер був представлений усіма залученими в дослід видами амаранту. Причиною цього, швидше за все, є незначний поліморфізм ферментів, які вивчались (Лиманская и др., 2010).

На відміну від інших дескрипторів, використаних в даному дослідженні, метод ISSR дозволив чітко розподілити досліджувані зразки в три групи згідно з видовою приналежністю і ступенем генетичної близькості, що характеризує даний тип маркерів як високоінформативний, з найкращою серед досліджуваних маркерних систем диференційною здатністю.

Комплексний підхід до вирішення проблеми диференціювання генотипів амаранту дозволив побудувати консенсусне дерево філогенетичних взаємовідносин, яке враховувало поліморфізм всіх маркерних систем. Дане дерево представлено на рис. 5. Ця дендрограма відзначалась розподілом колекційних зразків в три основні групи. При цьому сорт Кармен виду *A. cruentus* L. був кластеризований в групу

ЛИМАНСЬКА

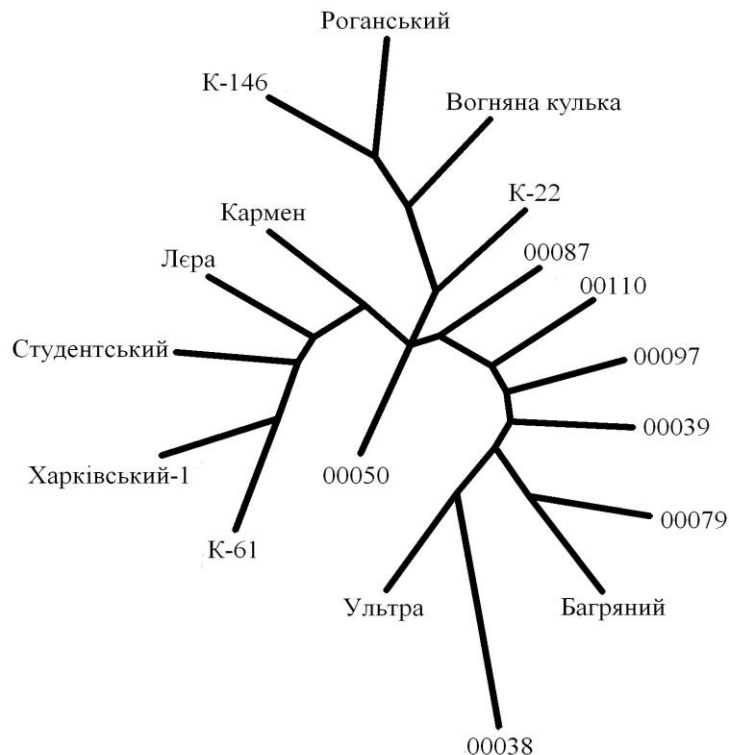


Рис. 5. Консенсусне дерево філогенетичних взаємовідносин колекційних зразків амаранту.

A. hypochondriacus L., а сорт Багрянний цього ж виду – в групу *A. hybridus* L. Колекційний номер К-22 (*A. hypochondriacus* L.) на топології дерева розміщувався в групі *A. caudatus* L., а 00087 (*A. caudatus* L.) – в групі *A. hybridus* L. Всі інші зразки розподілялись в кластери згідно з видовою приналежністю.

Найбільшою мірою консенсусній дендрограмі відповідали філогенетичні дерева, побудовані за результатами оцінки морфологічної мінливості (рис. 1) і ISSR-поліморфізму ДНК амаранту (рис. 4). Це свідчить про найбільший внесок даних систем у загальний рівень генетичної мінливості досліджуваних представників роду *Amaranthus* L.

В цілому за результатами проведених досліджень відзначено генетичну близькість зернових видів амаранту, що підтверджує монофілетичну гіпотезу їх походження. Показана слабка диференційна здатність ізоферментів, викликана низьким рівнем поліморфізму алозимів амаранту. Найкращою інформативністю характеризувались ISSR-маркери, що дозволяє рекомендувати їх для залучення в різних селекційно-генетичних програмах амаранту, наприклад, для генотипування, паспортизації сортів, тощо. Виявлено значний вплив морфологічної і ISSR-ДНК мінливості на загальний рівень по-

ліморфізму генотипів амаранту та ступінь їхньої генетичної дивергенції.

ЛІТЕРАТУРА

- Гонцій Т.І. Амарант: біологія, вирощування, перспективи використання, селекція. – Х., 1999. – 273 с.
- Железнов А.В., Солоненко Л.П., Железнова Н.Б. Агробиологическое изучение амаранта в связи с его интродукцией и селекцией в Сибири // Новые и нетрадиционные растения и перспективы их практического использования: Тез. Докл. I Междунар. сипмп. – Пущино, 1995. – С. 124-127.
- Лиманская С.В. ISSR-анализ коллекционных образцов амаранта (*Amaranthus* L.) // Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів. – 2012б. – Т. 10, № 2. – С. 254-261.
- Лиманская С.В. Оценка генетической изменчивости коллекции амаранта (*Amaranthus* L.) с использованием RAPD-анализа // Цитология и генетика. – 2012а. – Т. 46, № 4. – С. 19-26.
- Лиманская С.В., Гонций Т.И. Анализ внутривидовой и межвидовой изменчивости коллекционных образцов амаранта (*Amaranthus* L.) по морфологическим признакам // Вісн. Харків. нац. аграрн. ун-ту. Сер. Біологія. – 2013. – Вип. 1 (28). – С. 85-94.
- Лиманская С.В., Попов В.Н., Гонций Т.И. Изменчивость некоторых изоферментных систем семян

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ КОЛЕКЦІЇ ЗЕРНОВИХ ВИДІВ АМАРАНТУ

- представителей рода *Amaranthus* L. // Вісн. Харків. нац. аграрн. ун-ту. Сер. Біологія. – 2010. – Вип. 3 (21). – С. 70-77.
- Chan K.F., Sun M. Genetic diversity and relationships detected by isozyme and RAPD analysis of crop and wild species of *Amaranthus* // Theor. Appl. Genet. – 1997. – V. 95. – P. 865-873.
- Greizerstein E.I., Poggio L. Karyological studies in grain amaranthus // Cytologia. – 1994. – V. 59, № 1. – P. 25-30.
- Kulakow P.A., Hauptli H., Jain S.K. Genetics of grain amaranths I. Mendelian analysis of six color characteristics // J. Heredity. – 1985. – V. 76, № 1. – P. 27-30.
- Lanoue K.Z., Wolf P.G., Browning S., Hood E.E. Phylogenetic analysis of restriction-site variation in wild and cultivated *Amaranthus* species (*Amaranthaceae*) // Theor. Appl. Genet. – 1996. – V. 93. – P. 722-732.
- Mallory M. A., Hall R. V., McNabb A. R., Pratt D. B., Jellen E. N., Maughan P. J. Development and characterization of microsatellite markers for the grain amaranths // Crop Sci. – 2008. – V. 48, № 3. – P. 1098-1106.
- Mandal N., Das P.K. Intra- and interspecific genetic diversity in grain amaranthus using random amplified polymorphic DNA markers // Plant Tissue Cult. – 2002. – V. 12, № 1. – P. 49-56.
- Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals // Genetics. – 1978. – V. 89 – P. 583-590.
- Ney M., Li W.-H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1979. – V. 76, № 10. – P. 5269-5273.
- Ranade S.A., Kumar A., Goswami M., Farooqui N. Sane P.V. Genome analysis of amaranth: Determination of inter- and intra-species variation // J. Biosci. – 1997. – V. 22, № 4. – P. 457-464.
- Sauer J.D. The grain Amaranths and its relatives: a revised taxonomic and geographic survey // Ann. Missouri Bot. Gard. – 1967. – V. 52, № 2. – P. 103-137.
- Sauer J.D. Grain amaranth // Evolution of crop plants / Ed. Simmonds NW. – London: Longman, 1976. – P. 4-7.
- Williams J.T., Brenner D. Grain amaranth (*Amaranthus* species) // Cereals and Pseudocereals. – London, 1995. – P. 129-186.
- Xu F., Sun M. Comparative analysis of phylogenetic relationships of grain amaranths and their wild relatives (*Amaranthus*; *Amaranthaceae*) using internal transcribed spacer, amplified fragment length polymorphism, and double-primer fluorescent intersimple sequence repeat markers // Mol. Phylogenet. Evol. – 2001. – V. 21, № 3. – P. 372-387.
- Zheleznov A.V., Solonenko L.P., Zheleznova N.B. Seed proteins of the wild and cultivated *Amaranthus* species // Euphytica. – 1997. – V. 97. – P. 177-182.

Надійшла до редакції
14.05.2013 р.

DIFFERENTIATION OF AMARANTH GRAIN SPECIES COLLECTION ON MORPHOLOGICAL, BIOCHEMICAL AND MOLECULAR-GENETIC TRAITS

S. V. Lymanska

V.V. Dokuchayev Kharkiv National Agrarian University
(Kharkiv, Ukraine)

Analysis of genetic divergence of five amaranth species collection was carried out on different markers types. The genetic similarity of grain amaranth species was pointed out. The genetic distances values varied from 0,0362 to 1,0504 on morphological traits, from 0,0011 to 0,0276 on isoenzymes, from 0,0009 to 0,0141 on RAPD-loci and from 0,0018 to 0,0113 on ISSR-markers. Cluster analysis was carried out, which allowed to apportion collection amaranth accessions to 2-3 clusters depending on marker system type. The main grouping factor was species belonging. The monophyletic hypothesis of grain amaranth species origin was verified. With using of four markers types four phylogenetic trees were built. On the results of their topology comparison the insufficient differentiating capability of isoenzymes and also high informing of ISSR markers were pointed out.

ЛИМАНСЬКА

Analysis of consensus tree of phylogenetic relationships allowed to define considerable influence of morphological and ISSR-DNA variation on general level of amaranth genotypes polymorphism and genetic divergence extent.

Key words: *Amarantus caudatus L., A. cruentus L., A. hybridus L., A. hypochondriacus L., A. mantegazzianus Passer., genetic markers, genetic divergence, phylogenetic tree, differentiation*

ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ КОЛЛЕКЦИИ ЗЕРНОВЫХ ВИДОВ АМАРАНТА ПО МОРФОЛОГИЧЕСКИМ, БИОХИМИЧЕСКИМ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИМ ПРИЗНАКАМ

С. В. Лиманская

*Харьковский национальный аграрный университет им. В.В. Докучаева
(Харьков, Украина)*

Проведен анализ генетической дивергенции коллекции пяти видов амаранта по разным типам маркеров. Отмечена генетическая близость зерновых видов амаранта. Значения генетических расстояний варьировало в пределах 0,0362 – 1,0504 по морфологическим признакам, 0,0011 – 0,0276 по изоферментам, от 0,0009 до 0,0141 по RAPD-локусам и в пределах 0,0018 – 0,0113 по ISSR-маркерам. Проведен кластерный анализ, который позволил распределить коллекционные образцы амаранта в 2-3 кластера, в зависимости от типа маркерной системы. Основным фактором группирования была видовая принадлежность. Подтверждена монофилетическая гипотеза происхождения зерновых видов амаранта. С использованием четырех типов маркеров построено четыре филогенетических дерева. По результатам сравнения их топологии отмечена недостаточная дифференцирующая способность изоферментов и высокая информативность ISSR-маркеров. Анализ согласованного дерева филогенетических взаимоотношений позволил установить значительное влияние морфологической и ISSR-ДНК изменчивости на общий уровень полиморфизма генотипов амаранта и степень генетической дивергенции.

Ключевые слова: *Amarantus caudatus L., A. cruentus L., A. hybridus L., A. hypochondriacus L., A. mantegazzianus Passer., генетические маркеры, генетическая дивергенция, филогенетическое дерево, дифференциация*