

Исходя из статистических данных среда DKW не является более подходящей для пролиферации побегов *Hedysarum cretaceum* Fisch. по сравнению со средой MS.

Данные по корнеобразованию растений-регенрантов исследуемого вида пока не были получены. Планируется продолжение исследования с дальнейшим анализом и оформлением результатов.

ЛИТЕРАТУРА

Красная книга Ростовской области / Министерство природных ресурсов и экологии Ростовской области: Издание 2-е. Ростов-на-Дону: Минприроды Ростовской области, 2014. – Т. 2. Растения и грибы. – 344 с.

Супрун Н.А. Копеечники (*Hedysarum* L.) Нижнего Поволжья: изменчивость и систематика – Дисс... кандидата биологических наук. – Москва, 2014. – 160 с.

Николаева М.Г., Разумова М.В., Гладкова В.Н. Справочник по проращиванию покоящихся семян. – Л.: Наука, Ленингр. отд., 1985. – 348 с.

Пономаренко С.Ф. Сем. Fabaceae // Сравнительная анатомия семян. Том 5. Двудольные. Rosidae I. – СПб.: Мир и семья, 1996. – С. 264–299.

Середа М.М., Козловский Б.Л., Луценко Е.В. Перспективная технология размножения платана испанского для зеленого строительства на юго-западе ростовской области // Инженерный вестник Дона. 2014. Т. 31, № 4-1. С. 9.

Cerovi R., Runic J. Micropropagation of sour cherry (*Prunus cerasus* L.) cv. Sumadinka // Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 1987. Vol. 51, № 9. С. 157.

УДК 577.29

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ГЕНОМА НОРКИ МЕТОДОМ ISSR-PCR И IRAP-PCR

Е.С. Щукина¹, В.И. Глазко^{1,2}, Т.Т. Глазко^{1,2}, Г.Ю. Косовский¹

¹ Научно-Исследовательский институт пушиного звероводства и кролиководства имени В.А. Афанасьева

² Российский государственный аграрный университет-Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева

С целью обнаружения наиболее информативных молекулярно-генетических маркеров в геноме норки, для последующего полилокусного генотипирования пород и создания генофондного паспорта выполнен сравнительный анализ спектров продуктов амплификации фланкированных инвертированными повторами микросателлитов ISSR-PCR ((GT)₉C; (AGC)₆C; (AGC)₆T; (TGC)₆G) и транспозонов IRAP-PCR (Gossy-R, Sabrina, Sabrina 111, LTR OR2, Gossy-L, InTol, Trna2L). На основании оценок полиморфизма суммарно 60 локусов, 26 из которых являются консервативными, а 34 полиморфными.

Анализ фореграмм выполнен на основе расчета доли полиморфных локусов, полиморфного информационного содержания (PIC-polymorphism information content), эффективного мультиплексного отношения (EMR-effective multiplex ratio) и маркерного индекса (MI-marker index). PIC рассчитывался по формуле: $PIC = 2f(1-f)$, где f – частота одного из двух аллелей, рассчитанная как $f = \sqrt{R}$, где R – частота вариантов, у которых отсутствовал фрагмент ДНК соответствующей длины. $EMR = n_p(n_p/n)$, где n_p – число полиморфных локусов, n – общее число локусов. Расчет маркерного индекса проводился по формуле $MI = PIC \times EMR$.

Самое высокое содержание доли полиморфных локусов наблюдалась у праймеров (AGC)₆C (80%), LTR OR2 и InTol (по 85.71%), Gossy-R (62.5%), минимальное же содержание было у (AGC)₆T и Sabrina – по 40%, (GT)₉C – 33% и Sabrina 111 – 16%. Наивысшие показатели полиморфного информационного содержания были по (AGC)₆C, Gossy-R, LTR OR2 и InTol и равнялись 0,323; 0,322; 0,367 и 0,3949 соответственно.

По проведенным расчетам можно сделать вывод, что имеется прямая корреляционная зависимость между эффективным мультиплексным отношением и маркерным индексом, показывающий эффективность молекулярного маркера, используемого при генотипировании животных. Так, (AGC)₆C, Gossy-R, LTR OR2 и InTol имеют самые высокие показатели представленных индексов (EMR = 3,2; 3,1; 5,14; 5,14 соответственно и MI – 1,006-2,03), исходя из чего их рекомендуется использовать при генотипировании норки, так как являются наиболее информативными молекулярно-генетическими маркерами в геноме норки.