

АНОТАЦІЯ

Робота присвячена дослідженню геномної мінливості соматоклональних варіантів пшениці спельти (*Triticum spelta* L.) покоління R₂ із застосуванням методу IRAP. Спельта є стародавнім гексаплоїдним видом пшениці з цінними поживними та адаптивними властивостями, однак дослідження соматоклональної мінливості її регенерантів у наступних поколіннях не проводилося, що зумовлює актуальність та інноваційний характер дослідження.

В роботі використано насіння п'яти генотипів спельти та 26 соматоклональних ліній цих генотипів покоління R₂, отриманих у культурі незрілих зародків *in vitro*, а також 8 IRAP-праймерів до LTR-послідовностей ретротранспозонів. Визначено ефективність цих праймерів та 10 їх комбінацій для аналізу геному спельти і проведено їх класифікацію за інформативністю спектрів ампліфікації. Встановлено, що праймер Da та комбінація Sa/Su є найінформативнішими. Показано, що вихідні генотипи спельти є мономорфними або слабо поліморфними залежно від досліджуваного локусу. Виявлено відмінності у профілях ампліфікації, зокрема втрату окремих ампліконів та зміну їхніх розмірів порівняно з вихідними формами, що свідчить про наявність геномної мінливості у рослин-регенерантів спельти та підтверджує перспективність використання IRAP-маркерів для її оцінки.

Кваліфікаційна робота викладена на 55 сторінках, включає 2 додатка, ілюстрована 4 таблицями та 11 електрофореграмами. Список використаних джерел включає 44 роботи.

Ключові слова: *Triticum spelta* L., соматоклональна мінливість, IRAP, ретротранспозони, рослини-регенеранти, поліморфізм.