

Изучение Генетического Полиморфизма Кукурузы (*Zea mays* L.) Из Коллекции Национального Генбанка Азербайджана

Л.С. Валиева*, Г.К. Рагимова, Н.А. Набиева, З.И. Акпаров

Институт генетических ресурсов НАН Азербайджана, пр. Азадлыг, 155, Баку AZ1106, Азербайджан; *E-mail: l.valiyeva@yandex.ru

Кукуруза входит в число важнейших культурных злаков в наибольшей степени употребляемых мировым населением. Изучение генетического полиморфизма местных коллекций кукурузы является важной составляющей для их обогащения и использования в селекции. В работе ПЦР-анализом с использованием 5 ISSR-маркеров проводилась оценка полиморфизма ДНК 16 константных форм и 25 гибридов кукурузы, сохраняющихся в Национальном генбанке Азербайджана. Выявлен высокий уровень полиморфизма, как у гибридов, так и у константных форм, составляющий в среднем 93,24%. Кластерный анализ значений генетических дистанций Nei выявил 8 групп генотипов. Исходя из величины индекса генетического разнообразия и информационного полиморфизма - PIC (polymorphism information content), оценена дискриминационная способность маркерной системы, наибольшую эффективность которой продемонстрировал ISSR-праймер UBC-827 с последовательностью (AC)₈G.

Ключевые слова: Коллекция кукурузы, ISSR-ПЦР, полиморфизм ДНК, кластерный анализ

ВВЕДЕНИЕ

Кукуруза (*Zea mays* L.) входит в число культурных злаковых растений, являющихся наиболее важными продуктами питания, употребляемыми мировым населением. По распространенности и продуктивности кукуруза уступает только пшенице и рису, но, по сравнению с последними, благодаря высоким адаптационным способностям, ее культивируют в более широком диапазоне условий окружающей среды (Koutsika-Satiriou, 1999). Большое экономическое значение кукурузы и некоторые ее биологические особенности (огромное разнообразие форм, раздельнополые соцветия, относительно малое число хромосом, высокий коэффициент размножения) благоприятствовали генетико-селекционным исследованиям на протяжении длительного периода и по сегодняшний день (Циков, 2003).

В связи с прогрессирующей эрозией биоразнообразия растений, сохранение и обогащение их генетических ресурсов, в том числе и кукурузы, является важнейшей научно-практической задачей. В настоящее время актуальны исследования генетического разнообразия кукурузы с использованием молекулярных маркеров, получаемых в результате ферментативной амплификации ДНК с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР). Как известно, генетическое разнообразие организмов обусловлено интенсивностью протекания мутационных, рекомбинационных и эпигенетических событий в ге-

номе. В связи с этим изучение генетического разнообразия на молекулярном уровне многократно повышает эффективность селекционной работы, вследствие выявления большего числа геномных вариаций, а также возможности точного анализа полученных данных. Применение молекулярных технологий для отбора более перспективных генотипов значительно сокращает затраты и время, необходимые для разработки гибридных комбинаций в селекционных программах (Хавкин, 2003). Оценка генетического разнообразия исходного материала, определение степени родства генотипов требуют точных, надежных и эффективных методов идентификации. Несмотря на интенсивный анализ генетического полиморфизма кукурузы, всегда актуален вопрос о выборе методики для дифференциации линий, популяций и гибридов.

Ранее была подтверждена высокая информативность ISSR-маркеров - коротких последовательностей ДНК, состоящих из простых нуклеотидных повторов для анализа генетического разнообразия кукурузы, а также других не менее важных научно-практических задач в ее растениеводстве (Salah et al., 2016; Сиволап и др., 2001; Barakat et al., 2009). Основными свойствами ISSR-праймеров являются произвольность распределения, а также насыщенность геномов растений такого типа последовательностями и, соответственно, высокая полиморфность, и вместе с тем, относительная точность и

воспроизводимость результатов реакции амплификации. Спектр продуктов ISSR-ПЦР-анализа является видоспецифичным, а его изменчивость не зависит от факторов среды, что позволяет выявить межсортовую дифференциацию (Календарь и др. 2002). ISSR-маркеры широко использовались при изучении генетического полиморфизма, идентификации генотипов, определении уровня гибридности и самоопыления (Masojc, 2002; Abdel-Mawgood, 2006), геномном картировании, в филогенетических исследованиях кукурузы (Кожухова и др., 2003).

В настоящем исследовании была поставлена цель оценить генетическое разнообразие некоторых константных линий и гибридов кукурузы из коллекции Национального генбанка с использованием ISSR-маркеров, а также характеризовать эффективность использованной маркерной системы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Исследования проводились в лаборатории биотехнологии Института генетических ресурсов (ИГР) Национальной Академии наук Азербайджана в 2016 году. В работе исследовалась ДНК, полученная из проростков семян 41 образца кукурузы, среди них 25 форм – межлинейные, межсортовые и сортолинейные гибриды, полученные на расположенном на Абшере опытным участке ИГР, а 16 – константные формы, относящиеся к подвиду зубовидной кукурузы, полученные в Закатальской опытной станции Института Земледелия НАН Азербайджана (таблица 1).

Экстракцию тотальной ДНК проводили из листьев проростков кукурузы по модифицированному протоколу СТАВ (Doyle et al., 1987). Концентрацию и качество препаратов ДНК каждой анализируемой формы кукурузы определяли спектрофотометрическим методом на приборе Нанодроп (Thermo Scientific, 2000). Концентрация растворов ДНК для проведения анализов была доведена дидистиллированной водой до 20 нг/мкл.

В работе в качестве маркеров для анализа генетической изменчивости кукурузы использовались 10 ISSR-праймеров, представляющие собой водные растворы кристаллов олигонуклеотидов. На амплификаторе BIO - Rad T100™ были проведены предварительные ПЦР ДНК образцов кукурузы для оптимизации режима реакции и температуры отжига праймеров (Oliveira et al., 2010).

Таблица 1. Образцы кукурузы, вовлеченные в ISSR-анализ.

Гибриды				Константные формы	
№	Код в генбанке	№	Код в генбанке	№	Код в генбанке
1	F49	17	F98	26	S52 (UGSh52)*
2	F52	18	F99	27	S319 (UGSh319)*
3	F60	19	F100	28	S320 (UGSh320)*
4	F64	20	F101	29	S341 (UGSH341)*
5	F71	21	F102	30	S351 (UGSH351)*
6	F72	22	F103	31	S352 (UGSH352)*
7	F88	23	F104	32	S354 (UGSh354)*
8	F89	24	F176	33	S364 (EHM364)*
9	F90	25	Fgoy	34	S412 (EHM412)*
10	F91			35	S417 (EHM417)*
11	F92			36	S447 (UGSH447)*
12	F93			37	S453 (UGSH453)*
13	F94			38	S455 (EHM455)*
14	F95			39	S458 (EHM458)*
15	F96			40	S461 (EHM461)*
16	F97			41	S477 (EHM477)*

* - в скобках обозначение образца в каталоге Национального генбанка.

Анализом этих результатов для дальнейших исследований были выбраны 5 праймеров (табл. 2).

Реакционная смесь ISSR-ПЦР объемом 20мкл включала: ДНК анализируемого образца - 2 мкл., праймер - 0,2 мкМ (Intergrated DNA Technologies), смесь дезоксирибонуклеотидов 4-х типов - по 0,2 мкМ каждого (Bioline), 10x ПЦР-буфер - 0,2 мкМ, MgCl₂ - 1,5 мМ, ДНК-полимераза (Tag) – 1 ед (все реактивы - Sinaclon Bioscience) и дидистиллированная вода - до достижения заданного объема. ПЦР проводили в режиме: начальная денатурация - 94⁰С/5мин., 35 циклов: денатурация - 94⁰С/1мин., отжиг - 1мин. при температуре плавления праймера, элонгация-72⁰ С/2мин., заключительная элонгация – 72⁰ С/7мин.

Детекция продуктов амплификации проводилась методом электрофореза в 1,2%-ном агарозном геле с добавлением бромистого этидия (4 мкл/100 мл геля), в 1xTBE-буфере pH - 8.0 (18 мМ Tris-HCl, 18 мМ борной кислоты, 100 мМ EDTA) в течение 50 мин. при напряжении электрического тока 120В. Ампликоны после электрофореза визуализировали в трансиллюминаторе (Bio-Rad) облучением гелей в ультрафиолетовых лучах и анализировали по интенсивности свечения комплексов бромистого этидия с ДНК. Эталонном для определения размеров амплифицированных фрагментов служил 100 bp DNA ladder. Регистрацией присутствия (1) или отсутствия (0) фрагментов с одинаковой молекулярной массой были составлены бинарные матрицы по каждому гелю.

В качестве показателей генетического полиморфизма определялись число и доля полиморфных аллелей. Индекс генетического разнообразия рассчитывали по формуле Nei: $H=1-\sum P_i^2$, где: P_i - частота i -того аллеля по отношению к общему числу аллелей (Nei et al., 1974).

Для установления эффективности выбранной маркерной системы рассчитывали величину информационного полиморфизма (polymorphism information content) – PIC (Чесноков и др., 2015).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В результате ПЦР-амплификации геномной ДНК 41 исследуемого образца кукурузы с использованием 5-ти ISSR-праймеров к локусам, расположенным между простыми повторами в геноме были получены спектры ампликонов (рис. 1-4).

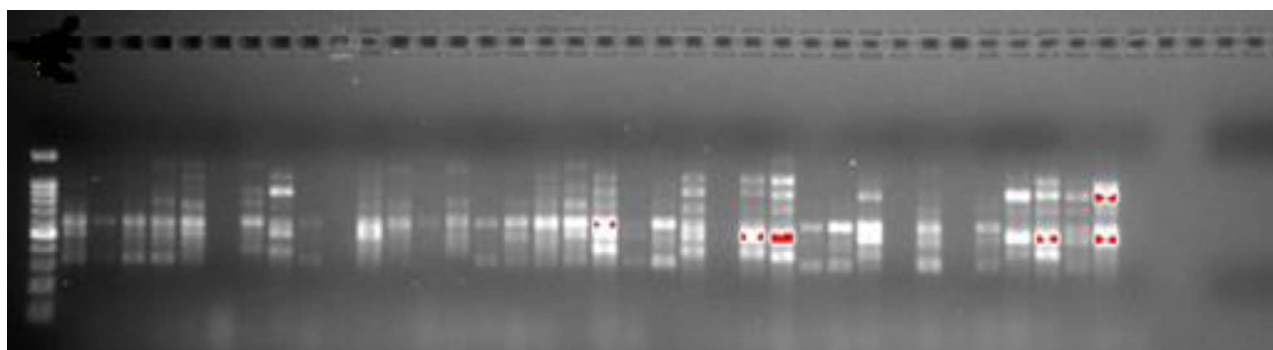
Анализом полученных спектров было установлено, что длина синтезированных фрагментов ДНК, в зависимости от праймера варьировала в пределах 20-900 пар нуклеотидов (таблица 2). По всем праймерам четко дифференцировано от 8 до 17 ампликонов-аллелей - всего 59, из которых 52 (88% от общего числа) – были полиморфные. Среднее (абсолютное) число аллелей на locus составило-11,8, а эффективное число аллелей (полиморфных) на locus-10,4. Число полиморфных ампликонов варьировало в пределах 8-16. Праймер UBC-841, состоящий из 4-х кратного повтора мотива - GACAC – выявил наибольшее число - 17 аллелей, из которых 16 – были полиморфные. Полимеразная реакция ДНК образцов кукурузы с динуклеотидным повтором (AC)₈G (праймер UBC-827) генерировала наименьшее число аллелей – 8, но при этом полиморфных.

Таким образом, реакция с праймером UBC-827 выявила самый высокий (100%) уровень генетического полиморфизма изучаемой коллекции, при этом значение индекса генетического разнообразия было также наибольшим - 0,95. Как у гибридов, так и у константных форм выявлен высокий уровень полиморфизма по всем использованным маркерам, в среднем - 93,24%.

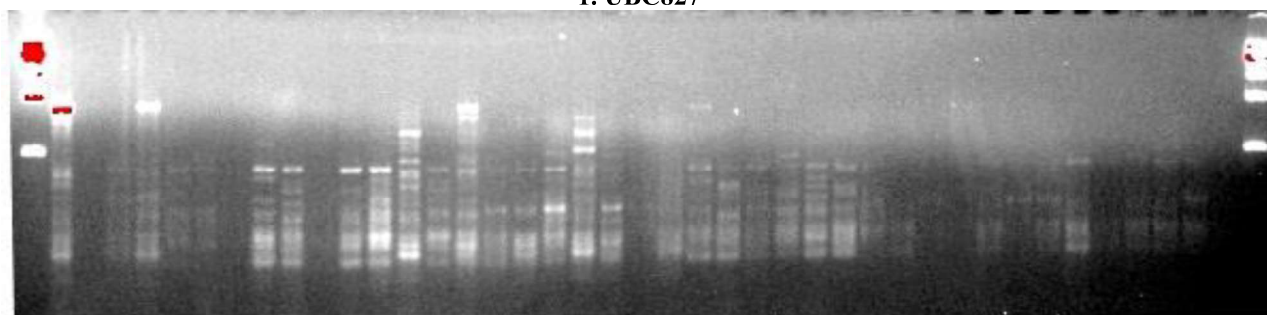
Анализ литературных данных по исследованиям ISSR-полиморфизма генома кукурузы показал, что полученные нами результаты в целом согласуются с ними, немногим превосходя в отдельных случаях. Так, изучение ДНК 21 образца кукурузы из регионов Вьетнама и Лаоса при помощи 10 праймеров выявило 100%-ный

полиморфизм (Vu Van Liet et al., 2011), а в исследовании с использованием 9-ти ISSR-праймеров, содержащих в составе 2, 3 и 4-нуклеотидные повторы, выявлено в среднем 78,8% полиморфных продуктов геномной амплификации ДНК кукурузы (Carvalho et al., 2002). В похожем исследовании генетического разнообразия инбредных линий кукурузы с использованием 8-и праймеров, содержащих в составе динуклеотидные повторы был выявлен более низкий уровень полиморфизма – 69% (Idris et al., 2012). В пределах отдельной ботанической группы кукурузы также выявляется высокая генетическая база изменчивости. Например, при ISSR-анализе 52 образцов лопающейся кукурузы (попкорна) показан 89,05%-ный уровень генетического полиморфизма (Do Amaral Júnior et al., 2011). Исследование 19 образцов лопающейся и 8 образцов зубовидной кукурузы выявило 73% -ый уровень полиморфизма ISSR-локусов для лопающейся и 87% - для зубовидной (Kantety et al., 1995). В наших исследованиях уровень полиморфности коллекции кукурузы в зависимости от праймера варьировал в пределах 88,8-100%. Такая высокая степень генетического разнообразия образцов перекрестноопыляемой кукурузы является ожидаемой, учитывая также и насыщенность ее генома мобильными элементами (Schnable et al., 2009). В то же время эти данные свидетельствуют о высокой гетерогенности геномов растений изучаемой коллекции кукурузы. Так, использованные нами для оценки полиморфизма генотипов кукурузы праймеры отличились высокими индексами генетического разнообразия, которые варьировали в пределах 0,78-0,95. В среднем по всем праймерам значение индекса составило 0,88.

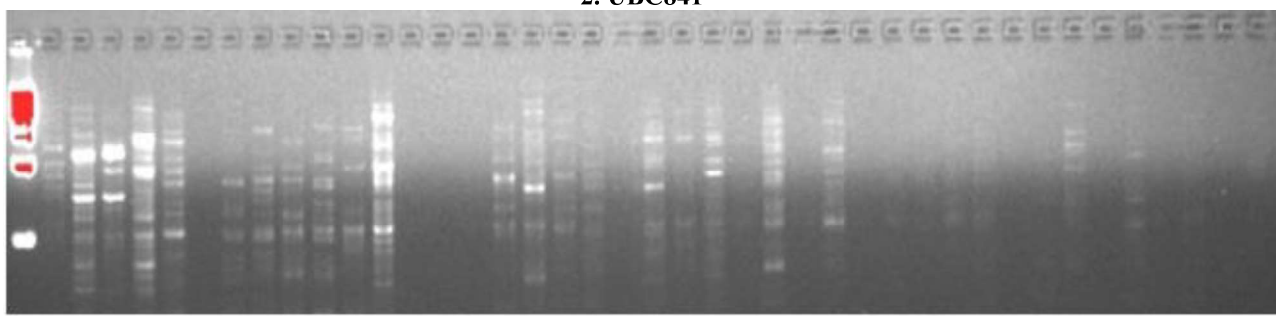
По данным бинарной матрицы присутствия или отсутствия ампликонов с одинаковыми молекулярными массами с использованием компьютерной программы PAST на основе индекса генетического сходства Джаккарда проведен кластерный анализ и была составлена дендрограмма, отображающая генетические расстояния между образцами кукурузы (рис.5). В первую очередь следует отметить отсутствие генотипов, полностью схожих по исследованным локусам. Как видно из дендрограммы, образцы кукурузы сгруппировались в 8 основных кластерах. Самый большой из них – кластер №2 объединяет 17 генотипов, в свою очередь подразделенные на 2 субкластера, включающие как гибриды, так и константные формы.



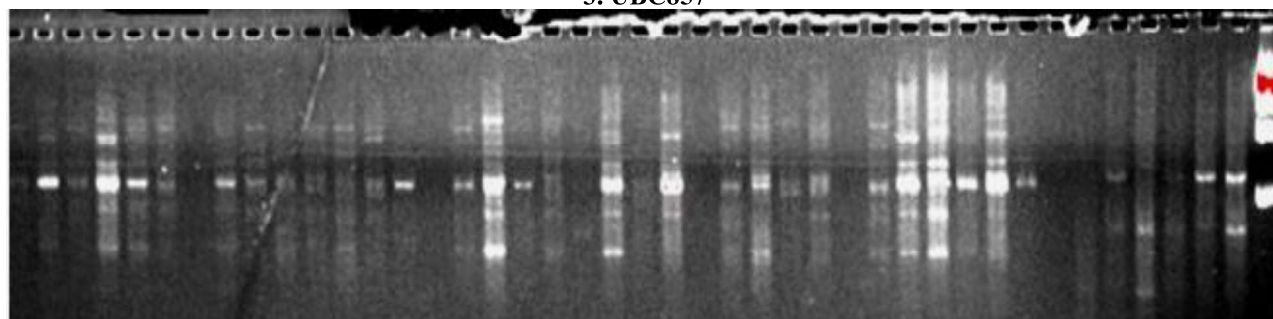
1. UBC827



2. UBC841



3. UBC857



4. UBC873

Рисунки 1-4. Электрофореграммы ампликонов, синтезированных в ПЦР с ISSR-праймерами с ДНК образцов кукурузы (расположение образцов на гелях - справа налево: 1-25 - гибриды, 26-41 - константные формы)

Таблица 2. Показатели полиморфности ISSR- локусов у генотипов кукурузы.

Название праймера	Последовательность нуклеотидов, 5' → 3'	Пределы длин ампликонов	Число ампликонов-аллелей		Полиморфность, %	Индекс генотипов различия, H	PIC
			Всего	Полиморфных			
UBC-841	(GAC AC) ₄	20-400	17	16	94.1	0.86	0.31
UBC-857	(AC) ₈ TT	20-400	15	14	93.3	0.78	0.32
UBC-809	(AG) ₈ G	20-700	10	9	90.0	0.88	0.35
UBC-873	GACAGA → CGAA → CAGACA	20-500	9	8	88.8	0.92	0.38
UBC-827	(AC) ₈ G	300-900	8	8	100	0.95	0.40
Средние величины			11.8	11	93.24	0.88	0.35

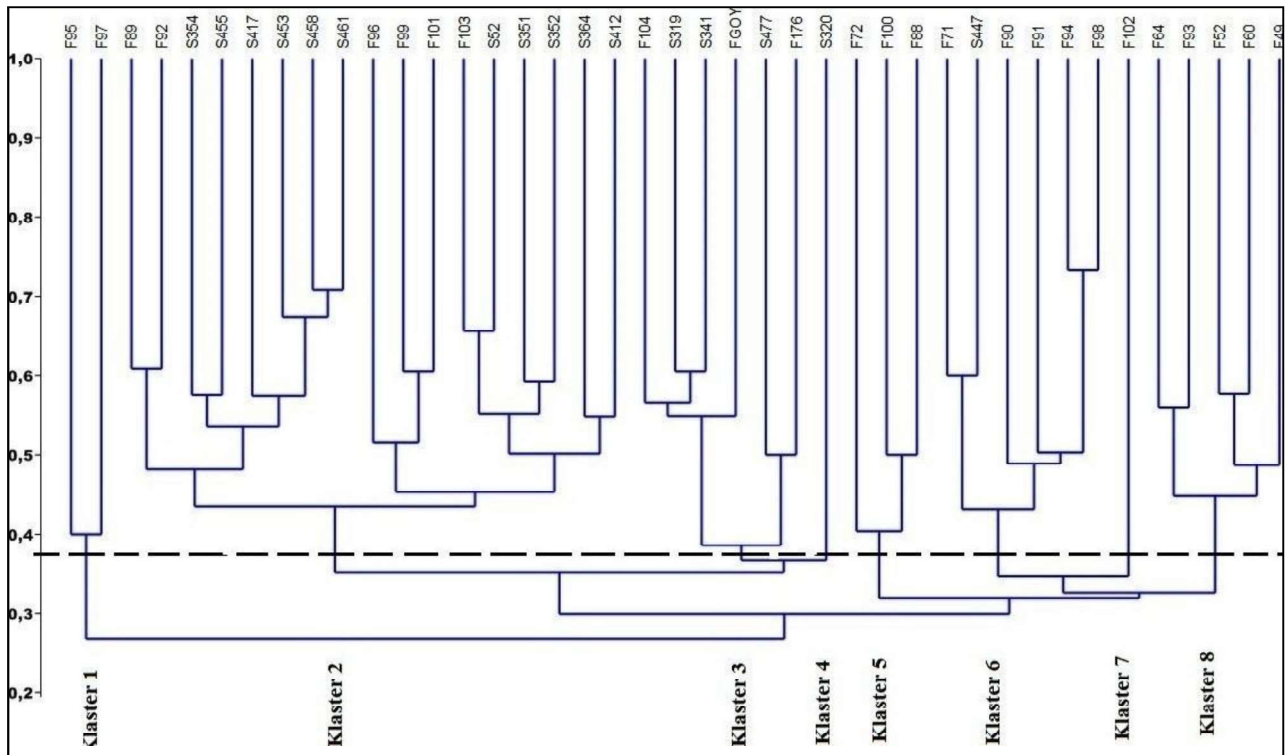


Рисунок 5. Дендрограмма сходности 41 образца кукурузы, составленная по данным ISSR-ПЦП-анализа с 5 праймерами.

В два кластера – №3 и №6 вошли по 6 образцов из обеих категорий. Еще две формы – S320 и F102 (S320 – инбредная линия, а F102 – сортолинейный гибрид) выделились в два различных кластера – соответственно, №4 и №7, что указывает на обособленность их генетической структуры от таковой остальных форм и относительно друг друга. В 3 кластера - №1, №5 и №8 включились только гибридные формы кукурузы, соответственно: (F95, F97), (F72, F100, F88) и (F64, F52, F93, F60, F49).

Сравнение индекса генетического сходства между парами генотипов в этих группах выявило относительно невысокие показатели подобия. По использованным праймерам наибольшее сходство генетической структуры проявилось для пар F94/F98 (сложные межсортовые гибриды, при создании которых использовались дериваты одного сорта) и S458/S461 (константные формы), соответственные индексы сходства – 0,76 и 0,71. Наиболее удаленными друг от друга оказались генотипы гибридов двух субкластеров, объединенные в кластер №3, а также два генотипа, входящие в кластер №1. Индексы генетического сходства для этих групп – 0,38 и 0,4, соответственно (Рис. 5).

Для оценки эффективности примененных ISSR-маркеров в исследовании генетического полиморфизма коллекции кукурузы были рассчитаны величины информационного полиморфизма – PIC (polimorfizm information content).

PIC является одним из ключевых информационно-статистических показателей при оценке маркерной системы. Он определяется способностью маркера устанавливать полиморфизм популяции в зависимости от числа обнаруживаемых аллелей и распределения их частот и тем самым эквивалентен генному разнообразию (Botstein et al., 1980).

Так как реакция ПЦП с ISSR-маркерами дает представление об одиночных доминантных локусах с двумя возможными аллелями (наличие / отсутствие ампликона), то максимальное значение PIC может быть равным 0,5 (Чесноков и др., 2015). В изученной нами маркерной системе значения PIC были в пределах 0,31–0,40, в среднем – 0,35. Наибольшая эффективность PIC – 0,40, была вычислена для праймера UBC-827. Показатели индекса генетического разнообразия, выявляемого с помощью обсуждаемых пяти ISSR-маркеров, также продемонстрировали их высокую дискриминационную способность для оценки полиморфизма образцов кукурузы.

Таким образом, с использованием 5-ти ISSR-маркеров было выполнено исследование генетического полиморфизма 16 константных форм и 25 гибридов кукурузы. Результаты выявили высокую базу генетической изменчивости изучаемой коллекции с уровнем полиморфизма, в среднем - 93,24%. При составлении и решении селекционных задач это знание может быть использовано для установления достоверных ас-

социативных и корреляционных связей между морфологическими и молекулярно-генетическими показателями. Была оценена эффективность используемой маркерной системы для выявления генетического разнообразия кукурузы. Рассчитанное среднее значение величины информационного полиморфизма составило 0,35. В сравнении с остальными исследованными локусами в геноме кукурузы, наиболее высокий уровень полиморфизма по всем параметрам был выявлен при использовании ISSR-праймера UBC-827, что позволяет рекомендовать его применение в дальнейших исследованиях полиморфизма и маркерной селекции кукурузы.

ЛИТЕРАТУРА

- Календарь Р.Н., Глазко В.И.** (2002) Типы молекулярно-генетических маркеров и их применение. *Физиология и биохимия культурных растений*, **34(4)**: 279-296.
- Кожухова Н.Э., Гудыменко Е.В., Сиволап Ю.М.** (2003) ISSR-анализ для реконструкции исторических событий: сравнение инбредных линий кукурузы ВР44 и А344. *Геном растений: IV Международная конференция*. Одесса: с. 18.
- Сиволап Ю.М., Требельский Д.Ю.** (2001) Идентификация генотипов кукурузы при помощи ПЦР-анализа. *Цитология и генетика*, **35(3)**: 14-21.
- Хавкин Э.Е.** (2003) Молекулярная селекция растений: ДНК-технологии создания новых сортов сельскохозяйственных культур. *С.-х. биология*, №3: 26-41.
- Чесноков Ю.В. и др.** (2014) Статистический анализ и молекулярные маркеры в селекции растений на гетерозис. *Сельскохозяйственная биология*, **50(1)**: 3-16.
- Чесноков Ю.В., Артемьева А.М.** (2015) Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия. *Сельскохозяйственная биология*, **50(5)**: 571-578.
- Циков В.С.** (2003) Кукуруза: технология, гибриды, семена. Днепропетровск: Заря, с.196.
- Abdel-Mawgood A.** (2006). Application of molecular markers for hybrid maize (*Zea mays* L.) identification. *Food, Agriculture, Environment*, **4(2)**: 44-51.
- Barakat M.N., El-Shafei A.A., Al-Doss A.A.** (2009) Identification of Molecular Markers Linked to Northern Corn Leaf Blight Resistance in Yellow Population of Maize Genes. *Genomes and Genomics* ©Global Science Books, p.89-95.
- Botstein D., White R.L., Skalnick M.H., Davies R.W.** (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am. J. Hum. Genet.*, **32**: 314-331.
- Carvalho V.P., Ruas P.M., Ruas C.F., Ferreira J.M., Moreira R.M.P.** (2002) Assessment of genetic diversity in maize (*Zea mays* L.) landraces using inter simple sequence repeat (ISSR) markers. *Crop Breed. Appl. Biotechnology*, **2(4)**: 557-568.
- Do Amaral Júnior A.T., De Oliveira E.C., Azeredo Gonçalves L.S., Scapim C.A., Candido L.S., Da Conceição Silva T.R., Vittorazzi C., Silva da Cunha K.** (2011) Assessment of genetic diversity among maize accessions using inter simple sequence repeats (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, **10(69)**: 15462-15469.
- Doyle J.L., Doyle J.J.** (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytoch. Bull.*, **19**: 11-15.
- Idris A.E., Hamza N.B., Yagoub S.O., Ibrahim A.I.A., El-Amin H.K.A.** **Maize** (2012) (*Zea mays* L.) Genotypes diversity study by utilization of Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, **6(10)**: 42-47.
- Kantety R.V., Zeng X.P., Bennetzen J.L., Zehr B.E.** (1995) Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Molecular Breeding*, **1**: 365-373.
- Koutsika-Sotiriou M.** (1999) Hybrid seed production in maize. In: A.S.Basra (ed.) *Heterosis and Hybrid Seed Production in Agronomic Crops*. New York: Food Products Press, p. 25-64.
- Masoje P.** (2002) Application of molecular markers in process of selection. *CMBL*, **7(21a)**: 499-510.
- Nei M., Roychoudhury A.K.** (1974) Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, **76**: 379-390.
- Oliveira E.C., Do Amaral Júnior A.T., Gonçalves L.S.A., Pena G.F., Freitas Júnior S.P., Ribeiro R.M., Pereira M.G.** (2010) Optimizing the efficiency of the touchdown technique for detecting inter-simple sequence repeat markers in corn (*Zea mays*). *Genet. Mol. Res.*, **9(2)**: 835-842.
- Salah N., Milad S I., El-Rouby M.M., Barakat M.N.** (2016) Identification of new molecular markers linked to maize stalk rot disease resistance (*Fusarium moniliforme*) in maize. *POJ*, **9(1)**: 1836-3644.
- Schnable P.S., Ware D., Fulton R.S. et al** (2012) The B73 maize genome: complexity, diversity and dynamics. *Science*, **337(6098)**:1040
- Vu V.L., Nguyen T.T.L., Nguyen T.T., Vu Thi B.H., Pham Q.T., Nguyen T.P.T.** (2011) Genetic diversity of maize (*Zea mays* L.) accessions using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Journal of Southern Agriculture*, **42(9)**: 1029-1034.

**Azərbaycanın Milli Genbank Kolleksiyasında Saxlanılan Qarğıdalı Bitkisinin (*Zea Mays L.*)
Genetik Polimorfizminin Öyrənilməsi**

L.S. Vəliyeva, G.Q. Rəhimova, N.Ə. Nəbiyeva, Z.İ. Əkrərov

AMEA-nın Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

Qarğıdalı (*Zea mays L.*) dünya əhalisi tərəfindən geniş istifadə olunan əhəmiyyətli mədəni taxıllar sırasına daxildir. Yerli qarğıdalı kolleksiyasının genetik polimorfizminin öyrənilməsi onun zənginləşdirilməsi işində və seleksiyada istifadəsində vacib rol oynayır. Bu məqsədlə 5 İSSR markerdən istifadə olunmaqla polimeraza zəncirvari reaksiyası (PZR) analizi vasitəsilə Azərbaycan Milli genbankında saxlanan 16 sabit və 25 hibrid qarğıdalı formalarının DNT polimorfizmi qiymətləndirilmişdir. Həm hibrid, həm də sabit formalarda yüksək polimorfizm səviyyəsi aşkar olunmuşdur ki, bu da orta qiymətlə 93,24% təşkil etmişdir. Neyn genetik məsafə göstəricilərinin klaster analizi 8 genotip qrupu aşkar etmişdir. Genetik müxtəliflik indeksi və PİC- (polymorphism information content) informasiya polimorfizminin göstəricilərinə əsasən marker sisteminin diskriminasiya qabiliyyəti qiymətləndirilmişdir. Nəticədə (AC)₈G nukleotid ardıcılığına malik UBC-827 praymeri daha yüksək effektivlik nümayiş etdirmişdir.

Açar sözlər: Qarğıdalı kolleksiyası, İSSR-PZR, DNT polimorfizmi, klaster analizi

**Study Of Genetic Polymorphism Of Corn (*Zea Mays L.*)
From The Collection Of The National Genbank of Azerbaijan**

L.S. Valiyeva, G.K. Rahimova, N.A. Nabiyeva, Z.I. Akparov

Genetic Resources Institute, Azerbaijan National Academy of Sciences

The Corn (*Zea mays L.*) is one of the most important cereals, most used by the world population. The study of the genetic polymorphism of local corn collections is an important component for enrichment and use in breeding. Based on this, it was carried out the evaluation of DNA polymorphism of 16 constant forms and 25 corn hybrids from the National Genebank of Azerbaijan by PCR analysis using 5 ISSR markers. It was identified a high level of polymorphism both in hybrids and in constant forms, averaging 93.24%. It was revealed 8 groups of genotypes by the cluster analysis of the values of Ney genetic distances. Based on the value of genetic diversity index and information polymorphism content –PIC, the discriminatory ability of the marker system was evaluated, the most effective of which was demonstrated by the primer UBC-827 with sequence (AC)₈G.

Keywords: *Corn collection, ISSR-PCR, DNA polymorphism, cluster analysis*