



МІНІСТЕРСТВО АГРАРНОЇ ПОЛІТИКИ ТА ПРОДОВОЛЬСТВА УКРАЇНИ
НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
СЕЛЕКЦІЙНО - ГЕНЕТИЧНИЙ ІНСТИТУТ – НАЦІОНАЛЬНИЙ ЦЕНТР
НАСІННЄЗНАВСТВА ТА СОРТОВИВЧЕННЯ
ОДЕСЬКЕ ОБЛАСНЕ ВІДДІЛЕННЯ УКРАЇНСЬКОГО ТОВАРИСТВА
ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ ім. М. І. ВАВИЛОВА



ЗБІРКА ТЕЗ ДОПОВІДЕЙ УЧАСНИКІВ

Першої інтернет конференції молодих учених

«Генетика та селекція сільськогосподарських рослин – від молекули до сорту»

присвячена 130-річчю з дня народження М.І. Вавилова

7 серпня 2017 року

м. Одеса, Україна

«Генетика та селекція сільськогосподарських рослин – від молекули до сорту»

Тези інтернет конференції, присвяченої 130-річчю з дня народження М.І. Вавилова
105-річчю з дня народження видатного вченого, селекціонера,
161 с.

**Тексти матеріалів тез подані в авторській редакції. Відповідальність за
точність, достовірність і зміст поданих матеріалів несуть автори.**

**Рекомендовано до друку Вченою радою СГІ-НЦНС (протокол № 5 від 30
червня 2017 р.).**

Склад організаційного комітету

Файт В.І., д.б.н., член-кор. НААН України (голова), Сліщук Г.І., к.б.н. (заступник
голови), Колесник О.О., к.б.н. (секретар), Белоусов А.О., д.б.н., Волкова Н.Е.,
д.б.н., Волков Р.А., д.б.н. Мулюкіна Н.А., д.с-г.н., Баєр Г.Я., к.б.н., Борисова В.В.,
к.б.н., Вареник Б.Ф., к.с-г.н., Венгер А.М., к.б.н., Немерцалов В.В., к.б.н., Неплій
Л.В., к.б.н., Присяжнюк Л.М., к.с-г.н., Тихонов П.С., к.б.н.

ЗМІСТ

Волкова Н. Е. ДО ПИТАННЯ ЦЕНТРАЛЬНОЇ ДОГМИ ТА ПАРАДИГМ У ГЕНЕТИЦІ	5
Liubych V. V. CONFECTIONERY PROPERTIES OF SPELT GRAIN DEPENDING ON THE VARIETY ORIGIN AND LINE	7
Sudarchuk L. V., Motsny I. I., Rybalka O. I., Blagodarova O. M., Kolesnyk O. O., Fayt V. I. DETECTION OF 1RS.1AL AND 1RS.1BL TRANSLOCATIONS IN COMMERCIAL WHEAT VARIETIES	9
Tigova A. V., Soroka A. I. CHANGE OF THE SEED COLOR IN <i>LINUM HUMILE</i> MILL. IN M ₂ GENERATION UNDER THE INFLUENCE OF NEW CHEMICAL MUTAGENS	11
Агафонова С. В. ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТІВ І ЛІНІЙ ЗАХІДНОЄВРОПЕЙСЬКОГО ЕКОТИПУ ЗА АГРОНОМІЧНО ЦІННИМИ ОЗНАКАМИ В УМОВАХ ПІВДНЯ УКРАЇНИ	13
Баєр Г. Я., Буй Д. Д., Пидюра М. О., Пірко Я. В., Блюм Я. Б. АНАЛІЗ ЕКСПРЕСІЇ ГЕНІВ, ЩО КОДУЮТЬ ІЗОФОРМИ В-ТУБУЛІНУ У ГЕНОМІ ЛЬОНУ <i>LINUM USITATISSIMUM</i> L.	16
Бойко М. С., Замбрїборщ І. С., Шестопап О. Л. ГАПЛОПРОДУКЦІЙНА ЗДАТНІСТЬ ПЕРСПЕКТИВНИХ СОРТІВ ТА ГІБРИДІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ В КУЛЬТУРІ ПИЛЯКІВ <i>IN VITRO</i>	18
Венгер А. М., Колесник О. О., Волкова Н. Е. ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНУ GY1 У СОРТАХ СОЇ УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ	20
Жернаков Т. Ю. МОЛЕКУЛЯРНІ МАРКЕРИ ГЕНІВ СТРУКТУРИ ЕНДОСПЕРМУ КУКУРУДЗИ (<i>ZEА MAYS</i> L.)	22
Жуков Б. С., Волкова Н. Е. ДОСЛІДЖЕННЯ РЕГІОНІВ ЕКЗОНІВ ГЕНА Y1 КУКУРУДЗИ БІОІНФОРМАТИЧНИМИ МЕТОДАМИ	24
Карастан О. М., Гоголінський Д. М., Федоренко М. Г., Герецький Р. В., Лосєва Д. Ю. РОЗВИТОК ГЕНЕТИЧНИХ ТА САНИТАРНИХ АСПЕКТІВ НАУКОВОГО СУПРОВОДУ ВИРОБНИЦТВА САДИВНОГО МАТЕРІАЛУ ВИНОГРАДУ БІОЛОГІЧНИХ КАТЕГОРІЙ	26
Марченко Т. Ю., Сова Р. С., Нужна М. В. МОРФО-ФІЗІОЛОГІЧНА МОДЕЛЬ ГІБРИДІВ КУКУРУДЗИ	28

Махова Т. В., Білозуб Г. С., Ведмедєва К. В. ГЕНЕТИЧНА КОЛЕКЦІЯ ЛІНІЙ СОНЯШНИКА ЗА ОЗНАКОЮ РОЗГАЛУЖЕННЯ	31
Мурсакаєв Е. Ш. ВИЗНАЧЕННЯ АЗОТФІКСУВАЛЬНОГО ПОТЕНЦІАЛУ СОРТОЗРАЗКІВ СОЇ ПРИ ВИКОРИСТАНІ РІЗНИХ ШТАМІВ БУЛЬБОЧКОВИХ БАКТЕРІЙ	33
Неплій Л. В., Терновий К. П., Галаєв О. В., Бесараб Г. В., Сауляк Н. І., Бабаянц О. В., Бабаянц Л. Т. ГЕН ТОЛЕРАНТНОСТІ <i>BDVI</i> ДО ВЖКЯ У ЛІНІЯХ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ОДЕСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ	35
Пикало С. В. ІНДУКЦІЯ ХРОМОСОМНИХ АБЕРАЦІЙ У КАЛЮСНИХ КЛІТИНАХ ТРИТИКАЛЕ ОЗИМОГО, КУЛЬТИВОВАНИХ ЗА УМОВ СОЛЬОВОГО СТРЕСУ	37
Погребнюк О. О., Балашова І. А., Файт В. І. ВПЛИВ РІЗНИХ РЕЦЕСИВНИХ АЛЕЛІВ ГЕНА <i>PPD-D1</i> НА ЧАС КОЛОСІННЯ ТА ІНШІ ОЗНАКИ РЕКОМБІНАНТНО – ІНБРЕДНИХ ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ	40
Псьолова А. О., Сатарова Т. М. АЛЕЛЬНИЙ СТАН <i>SSR</i>-МАРКЕРІВ ГЕНІВ <i>PL1</i> ТА <i>V1</i> ПРИ СЕЛЕКЦІЇ НА ПІДВИЩЕНИЙ ВМІСТ АНТОЦΙΑНІВ В ЗЕРНІ КУКУРУДЗИ	42
Сауляк Н. І., Терновий К. П., Бабаянц О. В., Бабаянц Л. Т., Галаєв О. В. СТІЙКІСТЬ ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ДО ЗБУДНИКУ БУРОЇ ІРЖІ ТА ЇЇ ГЕНЕТИЧНА ОСНОВА	44
Сліщук Г. І. БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНА <i>HSBP1</i> ПРОТЕЇНУ, ЩО ЗВ'ЯЗУЄ ФАКТОР ТЕПЛОВОГО ШОКУ КУКУРУДЗИ (<i>ZEА MAYS L.</i>)	46
Сучкова Ж. Е. СТАН СЕЛЕКЦІЇ ТОМАТА ЗВИЧАЙНОГО (<i>SOLANUM LYCOPERSICUM L.</i>) В УКРАЇНІ	48
Хільченко С. В., Белоусов А. О. ДОСЛІДЖЕННЯ МОРФО-БІОЛОГІЧНИХ ОЗНАК ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ ПРИ СЕЛЕКЦІЇ НА АДАПТИВНІСТЬ	50
Чекалов В. А., Волкова Н. Е. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ МАРКЕРИ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ НУТУ ДО ГРИБА <i>FUSARIUM OXYSPORUM SCHLECHT. F. SP. CICERIS</i> РАСИ 1	52

УДК 633.15

ВОЛКОВА Н. Е.

Селекційно-генетичний інститут - Національний центр насіннізнавства та сортовивчення, вул. Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса,

e-mail: natavolki@ukr.net , 380963620729

ДО ПИТАННЯ ЦЕНТРАЛЬНОЇ ДОГМИ ТА ПАРАДИГМ У ГЕНЕТИЦІ

Оксфордський американський словник визначає догму як іменник, що описує "принцип або сукупність принципів, встановлених владою як непереборно справжню". У науці догма - це основне положення вчення, що приймається істинним без потреби доказу. Щодо молекулярної біології та генетики, то центральна догма — загальне правило передачі генетичної інформації в живих організмах, сформульоване в 1958 році і переформульоване в 1970 році Ф. Кріком для приведення у відповідність з накопиченими на той час даними (Crick F. On protein synthesis. Symp. Soc. Exp. Biol. 1958: 12, 139–163; Crick F. Central dogma of molecular biology. Nature. 1970: 227, 561–563). Вона постулює, що потік інформації в живих організмах може відбуватися між нуклеїновими кислотами та від нуклеїнових кислот до протеїнів, але не може проходити від протеїнів до нуклеїнових кислот.

Існує дев'ять типів передачі інформації між трьома головними класами біополімерів, що несуть інформацію у вигляді мономерної послідовності: ДНК, РНК, протеїнами ($3 \times 3 = 9$). Догма класифікує ці типи в три групи: три загальних типи передачі (зазвичай відбуваються в більшості клітин), три особливих типи (відбуваються нечасто або за аномальними умовами) і три невідомих типи передачі (вважається, що вони ніколи не відбуваються). Загальні типи передачі описують нормальний потік біологічної інформації – реплікація, транскрипція,

трансляція. Зустрічаються також «потоки» РНК-РНК і РНК-ДНК (у деяких вірусів і в ретротранспозонах клітинних організмів). Проте, за догмою неможлива передача інформації від протеїнів як до інших протеїнів, так і до нуклеїнових кислот.

Але чи завжди центральна догма прийнятна? За даними сучасних досліджень стає зрозуміле, що деякі аспекти центральної догми не цілком точні. Так, найсучасніші дослідження зосереджено на аналізі функціональної ролі в клітині некодуєчої РНК, хоча це і не узгоджується з центральною догмою. Тобто центральна догма дає спрощене пояснення передачі генетичної інформації. Навіть сам Ф. Крік у своїй автобіографії заявив, що він не повинен був використовувати фразу «центральна догма» (Crick F. *What made pursuit: A personal view of scientific discovery*. Basic Books: NY, 1988).

Щодо парадигм – сукупності фундаментальних наукових установок, уявлень, термінів, основних припущень, логічних підходів, методологій, що приймаються й поділяються науковим співтовариством та об'єднують більшість його членів - зсуви попередніх думок трапляються протягом всієї історії науки і, як правило, раптово, різко (*staccato*) та розділяються довгими періодами статус-кво (Locwin B. *Why the “Central dogma” isn't*. *BioProcess Int.* 2014: 12(8), 84). Головні успіхи в області генетики досягнуто на основі двох парадигм – експериментальної генетики, особливо в контексті модельних організмів, та математично узгодженої генетичної теорії. Експерименти Т. Моргана з розробки модельної системи *Drosophila melanogaster*, яку використано для створення першої карти генів, та низка робіт Р. Фішера з кількісної генетики для аналізу ознак, які безперервно змінюються (початок та перша половина ХХ століття), є класичними прикладами двох парадигм. Але існує точка зору щодо третьої парадигми – парадигми синтезу: стрижневі досягнення в генетиці та інших галузях біології також зроблені шляхом синтезу розрізнених ниток наявної інформації, а не шляхом генерування нової інформації з експериментів чи формальної теорії

(Rice W. The Synthesis paradigm in genetics. Genetics. 2014: 196, 367–371). Через вибухове розширення інформації в численних банках даних з «-omics» і фрагментації генетики в численні субдисципліни, важливість парадигми синтезу, ймовірно, з часом дедалі розширюватиметься.

Ключові слова: догма, парадигми, генетика

UDC 664.6/.7:631.526.3

LIUBYCH V. V.

Uman National University of Horticulture, 1 Institutska st., Uman, Cherkassy region, 20305, Ukraine,

e-mail: LyubichV@gmail.com, 0978579140

CONFECTIONERY PROPERTIES OF SPELT GRAIN DEPENDING ON THE VARIETY ORIGIN AND LINE

Wheat is the most widely grown crop in the world because of its unique protein characteristics. While most of the world wheat crop arises from production of common and durum cultivars, there is increasing interest in ancient wheat species, especially spelt (*Triticum spelta* L.) ones, particularly with regard to use in special bakery products, health and organic foods (Gálová Z., Knoblochová H., 2001).

Experimental work was carried out in the Laboratory “Quality assessment of grain and grain products” of Department of Technology of Storage and Processing of Grain at Uman National University of Horticulture. Grain of different varieties of spelt wheat of the European selection was used, such as: Schwabenkorn (Austria), NSS 6/01 (Serbia), Shvedska 1 (Sweden), strains obtained by hybridization of *Tr. aestivum* / *Tr. spelta* – LPP 1197, LPP 3117, LPP 1304, LPP 1224, LPP 3122/2, P 3,

LPP 3132, LPP 3373, LPP 1221, introgressive strains NAK 34/12–2 and NAK 22/12 obtained by hybridization of *Tr. aestivum*/ amphiploid (*Tr. durum*/ *Ae. tauschii*) and introgressive strain TV 1100 obtained by hybridization of *Tr. aestivum* (Kharkivska 26 variety) / *Tr. kiharae* with a selection of winter form that were grown under conditions of Right-Bank Forest-Steppe of Ukraine. The check variant is the recognized variety of spelt wheat Zoria Ukrainy (st).

It was found that cooking estimation of biscuits from spelt varies considerably depending on the variety. Confectionery properties are significantly changed depending on the variety origin and spelt lines. Thus, content of gluten varied from 29.2% in LPP 1197, LPP 3117 and NAK 34/12-2 lines to 44.9% in grain of Zoria Ukrainy variety (st). The highest content of gluten was in spelt grain of Zoria Ukrainy variety - 44.9% and a LPP 1221 line – 43.6%. Grain of the rest of studied varieties and lines of spelt contained significantly less gluten compared with the standard.

Ratio of biscuits diameter to its thickness changed the most. Thus, the lowest ratio was obtained for biscuits from flour of a line NAK34/12-2 (10,7), and the highest ratio was 20,2–21,0 in Schwabenkorn varieties, NSS 6/01 and LPP 1197, LPP 1304 lines, that was significantly compared with the standard.

Estimation of diameter ratio of biscuits from spelt to its thickness varied from 3 to 9 points. Estimation of biscuits surface changed from 7 to 9 points, but the colour and appearance of braking did not change and was 9 points. Biscuits of Zoria Ukrainy (st), Schwabenkorn varieties, NSS 6/01 and LPP 1221, LPP 3373, LPP 1224, LPP 1197, LPP 1304, NAK 22/12, TV 1100 lines showed the highest cooking estimation (9 points) among studied varieties and lines of spelt. The lowest cooking estimation (7.0 points) has biscuits of LPP 3122/2 and NAK 34/12-2 lines, and biscuits of the rest studied material of spelt had cooking estimation at the level of 7.5–8.0 points.

Keywords: spelt, biscuits, confectionery properties, cooking estimation.

UDC 577.21:633.1

**SUDARCHUK L. V., MOTSNY I. I., RYBALKA O. I.,
BLAGODAROVA O. M., KOLESNYK O. O., FAYT V. I.**

Plant Breeding and Genetic Institute – National Center of Seed and Cultivars
Investigations, Ovidiopolska doroga Str., 3, 65036 Odessa, Ukraine

e-mail: sudachuk-lv@rambler.ru

DETECTION OF 1R_S.1A_L AND 1R_S.1B_L TRANSLOCATIONS IN COMMERCIAL WHEAT VARIETIES

A special place among the lines, varieties and other bread wheat genetic material occupy forms with wheat-rye translocations, which contain genes of resistance. Such forms are obtained because of introgression hybridization. Producing of wheat varieties with high baking quality is one of the perspective and promising trends of scientific work for the breeders. Large distribution was obtained by bread wheat varieties containing a 1R_S.1B_L wheat-rye translocation, and a 1R_S.1A_L translocation to a lesser extent. The presence of translocation increases drought tolerance, adaptive capacity, and the yield of wheat forms.

The purpose of our work was to compare the results of PCR analysis and electrophoresis of spare proteins in bread wheat varieties for the detection of wheat-rye translocation. The following material was used for this research: wheat varieties Antonivka and Kuial'nyk (without translocations), Kryzhynka, Favorytka, Khutoryanka, Kolumbiia, and Zolotokolosa. Isolation of plant DNA was carried out by STAB method. The presence of wheat-rye translocation was detected by PCR analysis with primer pairs to loci *Xrems1303* (1R_S), ω -sec (1R_S). The bread wheat varieties were also analyzed by the electrophoresis of spare proteins (locus *Gli-1*).

The 290 bp amplicon (*Xrems1303*) indicates the presence of rye translocation in the wheat genome, whereas the 400 bp amplicon is defined by *Sec1* locus that is responsible for the synthesis of rye proteins - ω -secalins (which are markers of the usual translocation). The analysis of electrophoregrams evidences the absence of wheat-rye translocation in varieties Antonivka and Kuial'nyk and its presence in other studied varieties. If the usual wheat-rye translocation is present in bread wheat varieties, the fraction of gliadin proteins is completely absent. Both the results of PCR analysis and the analysis of wheat spare proteins are absolutely corresponding.

Thus, the usage of PCR analysis and the analysis of wheat spare proteins for the detection of usual 1R_S.1A_L and 1R_S.1B_L wheat-rye translocations makes it possible to identify wheat-rye translocation in wheat varieties, which indicates the possibility of applying these methods in breeding and genetic programs.

Key words: Triticum aestivum L., PCR-markers, translocations, gliadin proteins.

UDC: 631.527.528.62:633.854.54

TIGOVA A. V., SOROKA A. I.

Institute of Oilseed Crops NAAS

69093, Ukraine, Zaporozhye, Settl. Solnechny, Institutskaya Str., 1

e-mail: anna.tigova@gmail.com, (063)3995818

CHANGE OF THE SEED COLOR IN *LINUM HUMILE* MILL. IN M₂ GENERATION UNDER THE INFLUENCE OF NEW CHEMICAL MUTAGENS

Flax is a valuable oil, technical, non-waste crop, the value of which is increasing annually. Therefore, there is a need for a new high-productive varieties that meet the requirements of the market. To solve successfully the problem of obtaining of new breeding material it's necessary to involve effective techniques such as methods of induced mutagenesis.

Two linseed varieties of *Linum humile* Mill – Iceberg and Solnechny, from the genetic collection of the Institute of Oilseed Crops, served as the object of our study. As the mutagens we used Dimethyl sulfate (DMS) derivatives of DG series (DG-2, DG-6, DG-7, DG-9) and classic mutagen, well known in breeding practice – Ethyl methanesulfonate (EMS). The mutagens of DG series are the new mutagens, synthesized at the Institute of Bioorganic Chemistry and Petrochemistry NAAS of Ukraine, which were not earlier used in the breeding practice in flax crop. DMS and EMS belong to the group of alkylating compounds, which cause joining of alkyl group, usually methyl or ethyl, to one of the nitrogenous bases.

For M₁ generation seeds of flax oil varieties Iceberg and Solnechny were soaked in 0.05 % and 0.5 % aqueous mutagenic solutions of DG-2, DG-6, DG-7, DG-

9, DMS, and EMS. The treatment duration amounted to 16 hours. In the control seeds were soaked in distilled water. Every family in M_2 was the descendant of a single plant from M_1 generation.

In our experiments it was shown that treatment with chemical mutagens of source material has led to the changes, with some frequency, of the seed color in both flax varieties in M_2 generation. Typically, this was a complex mutation which changed seed color together with the color of corolla petals and anthers. However, there were families where color of the corolla and anthers was changed but seed color remained unmodified. The spectrum of induced mutations in both studied varieties was not the same. Thus, the spectrum of seed color in Iceberg variety was narrower and comprised one type of change, while Solnechny variety was characterized with three types of changes in seed color. In Iceberg variety the brown seed in the control turned to yellow. This mutation was induced by mutagens DG-7, DG-9, and EMC at the concentration of 0.5 % at the frequency of 1.98 %, 1.82 %, and 0.89 %, respectively. At the treatment of 0.05 % concentration DG-2 and DG -9 mutagens were effective and gave rise to this mutation with the rate of 2.88 % and 0.92 %. In Solnechny variety we observed the change of yellow seed color in the control into brown, mustard and spotty color of seeds in mutant families. Brown seeds were induced by mutagens DG-2, DG-7, DG-9, and EMC at the concentration of 0.5 % and mutagens DG-2, DG-6, DG-9, and EMC at the concentration of 0.05 % with varying frequency. Mustard seed color was induced with mutagens DG-2, DG-7, DG-9, and EMC at the concentration of 0.5 % at the frequency of 0.98 %, 1.98 %, 0.97 %, and 4.92 %, respectively. At 0.05 % concentration mustard seed color was observed after treatment with mutagens DG-2, DG-6, DG-7, and DMS with the frequency of 0.95 % to 2.91 %. Spotty seeds were found in the treatment with EMS mutagen at the concentration of 0.5 % at the frequency of 1.64 % and in the treatment with DG-2 and DG-7 mutagens at the concentration of 0.05 % with the frequency of 3.88 % and 0.99 %.

It should be noted that the frequency of color changes in M_2 generation is only a preliminary assessment of the intensity of the mutation process. Final data on the frequency of mutations will be received after evaluation of the inheritance of seed color in the next generation.

Key words: flax, chemical mutagenesis, M_2 generation, mutation

УДК633.111.1:631.527:631.524.85:631.524.86:632.9

АГАФОНОВА С. В.

СГІ-НЦНС, м. Одеса, Овідіопольська дорога, 3, 65036,

<http://sgi.in.ua/>, +38 (048) 789-54-14, 789-53-25

ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТІВ І ЛІНІЙ ЗАХІДНОЄВРОПЕЙСЬКОГО ЕКОТИПУ ЗА АГРОНОМІЧНО ЦІННИМИ ОЗНАКАМИ В УМОВАХ ПІВДНЯ УКРАЇНИ

Пошук та вивчення вихідного матеріалу є одним з основних етапів селекційного процесу. В останні роки спостерігається тенденція поширення на ринку України сортів західно-європейського походження. Ґрунтово-кліматичні умови країн-імпортерів відрізняються від вітчизняних, тому закордонні сорти не мають генетичного потенціалу адаптації до цих умов. Враховуючи їх відмінності за генетичним походженням та ґрунтово-кліматичними умовами, де вони створювались, західноєвропейські сорти апіорі можуть слугувати вихідним матеріалом, як батьківські форми для схрещування з місцевим матеріалом.

Для виділення кращих з них, з метою залучення в селекційні програми необхідно всебічне їх вивчення за комплексом господарсько і біологічно-

цінних ознак і властивостей в умовах Півдня України. Для досягнення цієї мети, завданням даних досліджень було вивчення колекційних сортозразків західноєвропейського походження за показниками стійкості до хвороб, морозозимостійкості, урожайності та за хлібопекарськими якостями.

Матеріалом для дослідження слугували 47 сортозразків з Франції та 15 з Німеччини. За контроль слугували 10 сортів селекції Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннезнавства та сортовивчення (СГІ-НЦНС). Оцінки та аналіз матеріалу проводили за загальноприйнятими в селекційному процесі методиками. Дослідження проводили на експериментальних полях СГІ-НЦНС(м. Одеса) та в ДП ДГ «Покровське» Біляївського району, Одеської області.

В результаті цього було виділено низку сортозразків з високою та помірною стійкістю до листової іржі Artagnan, NSA 10-4939, NSA 12-7151, частину сортів стійких та помірно стійких до жовто-білих плямистостей LGWF12-7512, LWG12-7515, LGWF12-0663. Також в цьому році за рахунок вологої зими та весни, спостерігалось проявлення на рослинах твердої сажки. На всіх сортозразках Німеччини ураження коливалось 50-100%, частково на 18 сортозразках з Франції 5-40% та на деяких сортах селекції СГІ, де максимальне ураження було зафіксовано до 10%.

Однією з важливих адаптивних властивостей на півдні України є морозозимостійкість. Для її вивчення колекційні зразки були оцінені у польових і лабораторних умовах. За станом перезимівлі не вдалося виявити значних відмінностей між колекційними сортозразками, так як умови зимівлі були без суттєвого проявлення стресових факторів. Проте за 2 роки при визначенні рівня морозостійкості при проморожуванні зразків у морозильних камерах практично всі закордонні зразки показали низький рівень морозостійкості, в порівнянні із сортами СГІ, особливо при проморожуванні в середині і кінці

зими. Тільки два зразки LCS News та T 153 показали середній і високий рівень морозостійкості на всіх етапах проморожування.

При вивченні сортозразків за хлібопекарною якістю зерна було встановлено суттєву перевагу сортів СГІ над сортозразками західноєвропейської колекції по всім показникам, які формують якість зерна. Хоча, якщо розглядати кожен зразок окремо, то деякі зразки з Франції - Anapurna, T154, Ascot, Armada, Alhambra, Les 3114, Airbus мають непогані показники за якістю зерна на рівні вітчизняних сортів - Мелодія, Вікторія Антонівка, Куяльник, що не скажеш про зразки з Німеччини, які за якістю зерна була на низькому рівні.

За рівнем урожайності окремі сортозразки з Франції: LGWF 12-0663 – 84,1ц/га, LGWF 11-2234 – 83,61ц/га, LGWF 12-7515 – 83,21ц/га показали свою суттєву перевагу над сортами СГІ в умовах Одеси: Щедрість одеська – 82,2,ц/га, Жайвір – 73,7 ц/га, Антонівка – 71,4 ц/га, проте в екстремальних умовах ДП ДГ «Покровське» знаходились на одному рівні і нижче. Сорти Німеччини мали низький рівень врожайності із-за високого рівня ураження твердою сажкою.

Ключові слова: пшениця м'яка озима, селекція, біотичні та абіотичні фактори.

УДК 577.218

БАЄР Г. Я., БУЙ Д. Д., ПИДЮРА М. О., ПІРКО Я. В., БЛЮМ Я. Б.

ДУ "Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України", 04123, Київ,
вул. Осиповського 2а

e-mail: galabayer@ukr.net, +38 (044) 434-37-77

АНАЛІЗ ЕКСПРЕСІЇ ГЕНІВ, ЩО КОДУЮТЬ ІЗОФОРМИ β -ТУБУЛІНУ У ГЕНОМІ ЛЬОНУ *Linum usitatissimum* L.

Льон культурний (*Linum usitatissimum* L.) є зручним модельним об'єктом для досліджень в області генетики та функціональної геноміки. Встановлено, що вторинна клітинна стінка флоємних волокон льону має унікальну будову целюлози, яка характеризується високим ступенем кристалічності вторинної структури і укладкою глюканових ланцюгів паралельно повздожній осі клітини [Bourmaund et al., 2013]. Така структура забезпечує високу механічну міцність луб'яних волокон. Накопичено переконливі докази того, що мікротрубочки в значній мірі визначають просторову структуру і орієнтацію мікрофібрил целюлози [Baskin et al., 2004; Baskin et al., 2005; Spokevicius et al., 2007; Eisinger et al., 2012]. Молекулярні механізми, які направляють орієнтацію мікрофібрил, залишаються досі нез'ясованими, однак є дані щодо кореляції між експресією генів, що кодують β -тубуліни і формуванням та елонгацією целюлозних фібрил у бавовнику [Shengjian et al., 2002; Yuanli et al., 2003] та евкаліпта [Spokevicius et al., 2007]. Тому оцінка експресії генів β -тубуліну у рослин льону, що відрізняються за якістю волокна, є доволі актуальною проблемою.

У попередніх дослідженнях в геномі льону було виявлено щонайменше 17 генів, що кодують тубуліни. В результаті філогенетичного аналізу зроблено

припущення, що в геномі льону присутні 10 генів, які кодують різні ізоформи β -тубуліну [Баєр та інш., 2014]. На підставі нуклеотидних послідовностей генів, що кодують β -тубуліни льону, та за допомогою он-лайн програми Primer3 (http://biotools.umassmed.edu/bioapps/primer3_www.cgi) здійснено дизайн праймерів, які в подальшому були використані для дослідження їх експресії. Оцінювання експресії генів β -тубуліну здійснювали на двох сортах, які відрізняються за морфо-фізіологічними ознаками, а саме: льоні-довгунці сорту Блакіт, що використовується для отримання високоякісного волокна, а також льоні-стрибунці сорту Дехісцент (Dehiscent). Для дослідження використовували три різні частини 10-денних проростків: гіпокотиль (ізольовані провідні пучки); епикотиль (стебло); листя. Дослідження відносних рівнів експресії проводили за допомогою ПЛР в режимі реального часу з використанням $\Delta\Delta C_t$ -методу.

При аналізі експресії генів різних ізоформ β -тубуліну виявлено, що в епикотилі рівень відносної експресії ізотипів Lus 10036069 та Lus 10023348 був вищим майже в 2 рази у сорту Блакіт в порівнянні з сортом Дехісцент, а ізотипу Lus 10039231 – в 2,6 разів нижчим. Найбільші відмінності між сортами виявлені в провідних пучках гіпокотилі: рівень експресії ізотипів генів β -тубуліну Lus 10026813, Lus 10036069, Lus 10016448, Lus 10040712, Lus 10039231 був вищим у 6-9 разів у сорту Блакіт в порівнянні з сортом Дехісцент; рівень експресії ізотипів Lus 10021094, Lus 10017217, Lus 10027476, Lus 10023348, Lus 10038458 був вищим у 3-4,5 разів у сорту Блакіт в порівнянні з сортом Дехісцент. В тканинах листків виявлено підвищений рівень експресії ізотипів Lus 10026813, Lus 10036069, Lus 10021094, Lus 10016448, Lus 10040712 в 1,5-2 рази у сорту Дехісцент в порівнянні з сортом Блакіт .

В результаті проведених досліджень найбільші відмінності між сортами за рівнем експресії генів β -тубуліну спостерігали у клітинах провідних пучків гіпокотилі, тобто у клітинах, що формують волокно.

Ключові слова: *Linum usitatissimum*, льон, льоноволокно, тубулін, ген.

УДК 576:606:631.1

БОЙКО М. С., ЗАМБРІБОРЩ І. С., ШЕСТОПАЛ О. Л. [□]

СГІ-НЦНС, 65036, м. Одеса, вул. Овідіопольська дорога, 3, e-mail:

karadras2525@gmail.com

e-mail karadras2525@gmail.com, +38 (097) 528 42 15

ГАПЛОПРОДУКЦІЙНА ЗДАТНІСТЬ ПЕРСПЕКТИВНИХ СОРТІВ ТА ГІБРИДІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ В КУЛЬТУРІ ПИЛЯКІВ *IN VITRO*

Пшениця м'яка озима має велике значення для економіки, як з точки зору кормового виробництва, так і для забезпечення загальної суми харчових калорій і дефіцитного білка в харчуванні людини. Однак несприятливі умови зовнішнього середовища можуть значно знизити врожай. Це питання особливо актуальне в умовах глобальної зміни клімату. З кінця 80-х років ХХ століття на Півдні України спостерігається інтенсивне потепління. Збільшення тривалості теплого періоду сприяє ранній вегетації та посилює небезпеку згубного впливу пізніх весняних заморозків на культури, що рано висіваються. Іншою проблемою є постійна еволюція патогенів та виникнення нових вірулентних рас. Одним з найбільш шкідливих захворювань пшениці є іржа, яка істотно знижує врожай та якість насіння.

Ці проблеми зумовлюють необхідність постійного створення нових форм пшениці, стійких до різних несприятливих факторів. Значно скоротити час, необхідний для створення таких форм, дозволяють біотехнологічні методи. Ефективним для прискореного створення стабільних форм є культури пиляків *in vitro*. Однак злаки – складний об'єкт із погляду експериментальної біотехнології. Гаплопродукційна здатність різних генотипів може значно

варіювати. Тому дослідження створених в різних країнах сортів пшениці м'якої озимої та їх гібридів з точки зору особливостей андрогенезу *in vitro* та створення оптимальних умов для нього є актуальним завданням.

У роботі були використані сорт Вікторія української селекції, що відрізняється високою стійкістю до низьких температур, але чутливий до жовтої іржі, 5 сортів французького та німецького походження, що імовірно стійкі до захворювання іржею, але погано переносять заморозки, а також прості гібриди вищевказаних сортів (покоління F_1 , F_2). Проводилося вивчення здатності пиляків різних ліній до андрогенезу. Рослини вирощували у полі. Відбирали колосся донорних рослин з пиляками, мікроспори яких перебували в середньо-пізній вакуолізованій стадії розвитку. Попередню обробку матеріалу проводили згідно із загальноприйнятою методикою. Ізольовані пиляки висаджувалися на середовище 190-2 для індукції новоутворень в модифікації. Висаджені пиляки культивувалися перші 3 доби при температурі $+30^{\circ}\text{C}$, а в подальшому $+24^{\circ}\text{C}$ до появи новоутворень. Сформовані макроструктури культивувалися на модифікованому середовищі MS при 16-годинному фотоперіоді. Отримані зелені регенеранти висаджували на безгормональне середовище MS і яровізували. Гаплопродукційну здатність оцінювали, підраховуючи кількість новоутворень на 100 висаджених пиляків та кількість рослин-регенерантів на 100 отриманих новоутворень.

Найбільший відсоток новоутворень отримано для сортів 070028s24 і 114013, а також гібрида F_2 Вікторія/114013. Найменша кількість новоутворень отримана для гібрида F_1 Вікторія/070028s24. У більшості випадків (для трьох комбінацій з чотирьох) відсоток новоутворень для F_2 достовірно перевищує цей показник для F_1 . Відзначимо також, що новоутворення отримані для всіх вивчених комбінацій. Таким чином, умови першого етапу культивування можна вважати сприятливими. Найбільш висока регенераційна здатність спостерігається у гібрида F_2 Вікторія/Lavantus.

Ключові слова: пшениця м'яка озима, андрогенез in vitro, індукція новоутворень, регенерація рослин

УДК 633.791:575.113

ВЕНГЕР А. М., КОЛЕСНИК О. О., ВОЛКОВА Н. Е.

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення

e-mail: venger87@ukr.net; +380630706901

ТИПУВАННЯ СОРТІВ СОЇ ЗВИЧАЙНОЇ (*GLYCINE MAX* L.)

УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ ЗА МАРКЕРОМ ГЕНА *Gyl*

Соя культурна (*Glycine max* L.) є важливою сільськогосподарською культурою, що використовується здебільш через наявність у насінні оптимально збалансованих за амінокислотним складом протеїнів. Соя — один з найкращих попередників для зернових культур, до того ж сама є високорентабельною культурою, яка сприяє підвищенню родючості ґрунтів. Суттєве зростання посівних площ і валових зборів сої свідчить про її надзвичайно важливу роль в українському аграрному комплексі. В Україні спостерігається стійка тенденція і високі темпи збільшення посівних площ та валових зборів насіння сої.

Одним з найбільш цінних запасних протеїнів насіння є 11S глобулін - гексамер гліцинін, субодиниці якого складають дві групи (I та II). Група I кодується, у тому числі, геном *Gyl*. До складу гена входять чотири екзони і три інтрони. Співвідношення та поліморфізм субодиниць гліциніну обумовлюють різну якість насіння сої та його господарську цінність, що робить актуальним дослідження генів запасних протеїнів.

Метою роботи було ДНК-типування сортів сої культурної української селекції методом полімеразної ланцюгової реакції за маркером гена *Gyl*. За

даними літератури (Jegadeesan et al., 2012) за маркером Gy1-1 продукується алель гену *Gy1* розміром 801 п.н.

14 сортів сої української селекції ‘Анатоліївка’, ‘Антарес’, ‘Аполон’, ‘Берегиня’, ‘Чернівецька 9’, ‘Фарватер’, ‘Київська 98’, ‘Мельпонема’, ‘Одеська 150А’, ‘Протеїнка’, ‘Устя’, ‘Валюта’, ‘Васильківська’, ‘Юг 30’ проаналізовано за маркером Gy1-1 гена *Gy1*. У якості референтного сорту використовували сорт сої ‘Harovinton’, генотип якого має всі субодиниці гліциніну та генерує продукт ампліфікації розміром 801 п.н. за маркером Gy1-1.

За даними ПЛР-аналізу встановлено, що сорти сої української селекції мали алель розміром 801 п.н. або нуль-алель. Сорт ‘Harovinton’ мав очікуваний продукт ампліфікації розміром 801 п.н. Слід зазначити, що наявність нуль-алеля підтверджено наявністю продуктів ампліфікації інших локусів, таким чином псевдонегативний результат виключений.

Таким чином, показано поліморфізм у вибірці сортів сої української селекції, що свідчить про різні напрями селекційного процесу.

Ключові слова: соя культурна, запасні протеїни, гліцинін, поліморфізм, Gy1 ген.

УДК. 633.15

ЖЕРНАКОВ Т. Ю.

Селекційно-генетичний інститут - Національний центр насіннізнавства та сортовивчення, вул. Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса,

e-mail genetikbot@qip.ru, 380487895246

МОЛЕКУЛЯРНІ МАРКЕРИ ГЕНІВ СТРУКТУРИ ЕНДОСПЕРМУ КУКУРУДЗИ (*ZEА MAYS* L.)

Кукурудза (*Zea mays* L.) вважається основною культурою універсального продовольчо-кормового призначення. Зерно кукурудзи має вищу харчову цінність в порівнянні з іншими культурами. Поживність зерна кукурудзи залежить від його хімічного складу. В середньому вміст основних хімічних речовин, що визначають цінність зерна, складає: 70-75 % крохмалю, 5 % жиру, до 15 % протеїну. Кожна частина зерна кукурудзи має різний вміст поживних речовин. Майже весь крохмаль міститься в ендоспермі, олія – в зародку. Крім того, зародок збагачений протеїном, він містить близько 20 % загального вмісту протеїну. Значення має не тільки загальний вміст поживних речовин, а і їх склад. Значну частку в зерні (до 80 %) складають запасні протеїни, які представлені, головним чином, проламінами (зеїнами), для яких характерний дефіцит незамінних амінокислот лізину й триптофану. Висока питома частка проламінів (до 70 % загального протеїну) є характерною рисою для кукурудзи. Жири зерна кукурудзи мають відносно низький рівень насичених жирних кислот, у середньому 11 % пальмітинової кислоти та 2 % стеаринової, та відносно високий рівень поліненасичених жирних кислот, таких як лінолева (24 %). Стабільність при зберіганні – це ще один фактор, що робить масло кукурудзи важливим, стабільність забезпечується відносно низьким рівнем α -ліноленової кислоти (0,7 %) та вмістом природних

антиоксидантів. Високий вміст крохмалю – визначаючий показник для підвищення виходу біоетанолу. Також для виробництва біоетанолу важливим є тип структури крохмалю, а саме амілопектичний: чим менша крохмальна гранула, тим більша площа активної поверхні для ферментативної активності. Ефективність трансформації крохмалю в етанол пов'язана з співвідношенням його основних складових: амілопектину та амілози: крохмаль з нульовим вмістом амілози значно скоріше, ніж звичайний, піддається ферментації та дає більш високий вихід етилового спирту. Порівняно з іншими зерновими, кукурудза має максимальну кількість вуглеводів, зокрема, крохмалю, в зерні і є найбільш розповсюдженим у світі джерелом крохмалю. Вміст крохмалю в зерні кукурудзи варіює 60-80 %, вміст амілопектину в крохмалі – 20-100 %.

Одним з важливих напрямів селекції кукурудзи є підвищення якості зерна, що передбачає (1) підвищення вмісту протеїну, а саме підвищення відносного вмісту багатих незамінними амінокислотами альбумінів і глобулінів у порівнянні з зеїнами; (2) зміна співвідношення насичених жирних кислот до ненасичених; (3) збільшення рівню вітамінів та мікроелементів.

Для кукурудзи відомо більше 60 генів, що змінюють якісно і кількісно хімічний склад ендосперму. В практиці селекційно–генетичних досліджень для поліпшення якості зерна кукурудзи активно використовується біохімічний ефект мутантних генів структури ендосперму. зокрема, генів *O1-O17*, *Mo2*, *Ae*, *Bt*, *F11*, *Se*, *Sh1-Sh3*, *Su1*, *Su2*, *Wx1*, *Du1*.

Розробка молекулярних маркерів генів композиції ендосперму кукурудзи та подальше поєднання підходів традиційної селекції з доббором за маркерами (Marker Assisted Selection) дозволить підвищити ефективність та скоротити тривалість селекційного процесу створення ліній (гібридів) спеціального призначення з певним біохімічним складом зерна. При цьому врожайність та агрономічні ознаки мають залишитися аналогічними чи перевищувати такі тих форм, які культивуються в даний час.

Ключові слова: кукурудза, ендосперм, гени, молекулярні маркери, біотехнологія.

УДК. 633.15:577.151:577.212

ЖУКОВ Б. С.¹, ВОЛКОВА Н. Е.²

¹ВЦ ПП«СЖС Україна», вул. Чорноморського козацтва, 103, м. Одеса, e-mail:
9bjorn6@gmail.com

²Селекційно-генетичний інститут - Національний центр насіннєзнавства та
сортовивчення, вул. Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса, e-mail:
natavolki@ukr.net

ДОСЛІДЖЕННЯ РЕГІОНІВ ЕКЗОНІВ ГЕНА *Y1* КУКУРУДЗИ БІОІНФОРМАТИЧНИМИ МЕТОДАМИ

Однією з глобальних проблем людства є незбалансованість сучасного харчування, неспроможність забезпечити організм людини необхідною кількістю незамінних вітамінів та мінеральних речовин (мікронутрієнтів). Результати спостережень свідчать, що понад 50 % населення України харчується неякісно. За внутрішніми оцінками харчування населення України встановлено розбалансованість раціонів, зокрема, за вмістом β -каротину (32 %).

Вміст каротиноїдів ендосперму є ключовою ознакою, яка впливає на поживні й естетичні якості зерна кукурудзи. Базовим ензимом, який починає ланцюг біохімічних реакцій синтезу каротиноїдів, є фітоінсинтаза, що відповідає за перетворення геранілгеранілпірофосфату у фітоїн. У подальшому каскаді саме фітоїн є джерелом утворення β -каротину.

У кукурудзи біосинтез каротиноїдів вимагає домінантних алелів гена *Y1* для активної фітоінсинтази. У протилежність, рецесивні алелі *y1* кодують низькоактивну фітоінсинтазу ендосперму, що призводить до фенотипу зерна білого кольору. Встановлено, що дві інсерції в промоторній області гена *Y1* викликають його ектопічну експресію в ендоспермі. Біоінформатичний та

молекулярно-генетичний аналіз гена *Y1* є актуальним і перспективним у розробці молекулярних маркерів для подальшої оцінки та добору генотипів з підвищеною концентрацією β -каротину, що і є метою наших досліджень.

За результатами наших попередніх робіт з біоінформатичного аналізу гена *Y1* розроблено дизайн чотирьох пар праймерів для детекції поліморфізмів у регіонах промотора, інтронів 2 і 3, екзонів 1, 6. З використанням даних пар праймерів змодельовано розподіл генотипів кукурудзи при проведенні полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) *in silico*, а дві пари праймерів для дослідження поліморфізму інтронів гена *Y1* опрацьовано за допомогою ПЛР *in vitro*.

Даний етап досліджень з вивчення поліморфізму у регіонах «промотор-екзон 1» та ексона 6 за використання ПЛР *in silico* результувався у виявленні поліморфізму нуклеотидних послідовностей (однонуклеотидних замін та інделів). При використанні пари праймерів до регіону «промотор-екзон 1» отримано фрагменти ампліфікації розмірами 481-519 п. н., а до ексона 6 – розмірами 311-320 п. н. Наступним етапом є проведення ПЛР *in vitro* з парами праймерів до даних регіонів та встановлення залежності між виявленим поліморфізмом всіх досліджених регіонів та загальною концентрацією каротиноїдів та рівнем β -каротину в зерні кукурудзи.

Слід зазначити, що продуктом «більш глибоких» ступенів перетворення фітоїну є абсцизова кислота, що грає важливу роль у багатьох фізіологічних процесах рослинного організму. Але особливе значення має зв'язок абсцизової кислоти з забезпеченням стійкості до температурного стресу та нестачі вологи, який виражений у контролі активності дихалець та рівня транспірації. Молекулярно-генетичні дослідження абсцизової кислоти через аналіз поліморфізму гена *Y1* несуть науковий та прикладний інтерес, що складає подальший напрям наших досліджень.

Високий ступень консервативності системи каротиноїдів злакових культур дозволить у подальшому провести екстраполяцію методів та даних, отриманих при дослідженні кукурудзи, на інші важливі сільськогосподарські культури.

Ключові слова: кукурудза, поліморфізм, ген Y1, β -каротин, полімеразна ланцюгова реакція

УДК 634.835:581.167:631.537

¹КАРАСТАН О. М., ¹ГОГУЛІНСЬКИЙ Д. М., ¹ФЕДОРЕНКО М. Г.,
¹ТЕРЕЦЬКИЙ Р. В., ²ЛОСЄВА Д. Ю.

¹Національний науковий центр «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова», вул. 40-річчя Перемоги, 27, смт. Таїрове, м. Одеса, 65496, Україна, e-mail: tairmna2005@ukr.net, (048)-740-36-76

²Goustav Roussy Cancer Campus, 114 Rue Edouard-Vaillant, 94805 Villejuif Cedex-France, e-mail: piki@ukr.net

РОЗВИТОК ГЕНЕТИЧНИХ ТА САНІТАРНИХ АСПЕКТІВ НАУКОВОГО СУПРОВОДУ ВИРОБНИЦТВА САДИВНОГО МАТЕРІАЛУ ВІНОГРАДУ БІОЛОГІЧНИХ КАТЕГОРІЙ

Система виробництва (або, згідно європейському визначенню, схема виробництва) садивного матеріалу винограду біологічних категорій «базовий» та «сертифікований» із санітарної точки зору характеризується відсутністю у садивному матеріалі збудників вірусних хвороб та контролем на латентне ураження збудниками найбільш економічно значущих бактеріальних, фітоплазмових хвороб та хвороб багаторічної деревини винограду. Генетична складова системи передбачає походження від поліпшеного сорту – клонів.

Зазначені вимоги потребують наукового супроводу виробництва та передбачають оптимізацію їх генетичних та санітарних складових.

Метою роботи було узагальнення результатів селекційних та біотехнологічних досліджень у цілісну систему наукового супроводу системи виробництва біологічних категорій садивного матеріалу винограду у сертифікованому виноградному розсадництві.

Для виконання роботи було задіяно методи SSR-аналізу, низка методів із застосуванням культури *in vitro*, комп'ютерна програма Image J.

У відношенні до генетичного контролю дослідження останніх п'яти років були сконцентровані на двох напрямках:

- отримання алельних характеристик мікросателітних локусів для ДНК-паспортизації нових сортів столової групи:

- використання SSR-аналізу для підтвердження відповідності клонів технічних сортів вихідному сорту. При цьому, зокрема, мікросателітний аналіз трьох клонів сорту Ркацителі за шістьма SSR-локусами показав відповідність усіх проаналізованих клонів базовому сорту, що є необхідною вимогою європейських виноградарських країн для початку розмноження сорту.

У відношенні до санітарного контролю дослідження були сконцентровані на трьох напрямках, а саме:

- введення нових столових сортів селекції ННЦ «ІВіВ ім. В.Є. Таїрова до системи сертифікації в якості так званих «санітарних клонів», тобто таких, що пройшли перевірку на відсутність певного переліку системних патогенів винограду;
- вдосконалення діагностування латентного ураження вірусом скручування листя винограду на провокаційних середовищах в культурі *in vitro* та оптимізація отримання вихідного садивного матеріалу,

вільного від вірусу скручування листя за допомогою хемотерапії та культури верхівок, а також прискореного розмноження оздоровленого матеріалу через культуру *in vitro*;

- дослідження ендofітного прояву хвороби багаторічної деревини винограду – ески - на підщепних сортах винограду з метою вдосконалення санітарної селекції на відсутність ураження хворобою.

Таким чином, розроблені або вдосконалені складові наукового супроводу виробництва біологічних категорій садивного матеріалу винограду охоплюють основні етапи отримання та тиражування садивного матеріалу сортів та клонів винограду та забезпечують відповідність сорту (клону) – true-to-type і санітарний стан «вільний від вірусів, контрольований на грибні хвороби багаторічної деревини».

Ключові слова: виноград, сорт, клон, садивний матеріал

УДК 633.15:631.527

МАРЧЕНКО Т. Ю., СОВА Р. С., НУЖНА М. В.

Інститут зрошуваного землеробства НААН, сел. Наддніпрянське, м. Херсон,

e-mail: izz.ua@ukr.net

МОРФО-ФІЗІОЛОГІЧНА МОДЕЛЬ ГІБРИДІВ КУКУРУДЗИ

Прискореному отриманню нових сортів та гібридів, які характеризуються високими та сталими врожайми з поліпшеними показниками якості зерна слугує дотримання конкретної моделі сільськогосподарської культури в процесі створення та добору відповідних генотипів.

Модель сорту включає в себе як ознаки продуктивності, так і ознаки, які вказують на взаємозв'язок рослинного організму з елементами навколишнього середовища. Розробка агромоделі потребує інформації про параметри кількісних ознак продуктивності та їх залежність від показників морфологічних, фізіологічних, специфічної адаптивності, комбінаційної здатності вихідних ліній та застосування відповідних гетерозисних плазм.

Найбільш стабільними в умовах південного регіону є гібриди ранньостиглої групи ФАО, які використовуються для вирощування в післякисних, післяжнивних посівів та як попередники під озимі культури. Потенційна урожайність цієї групи значно нижча за більш пізньостиглі за рахунок зменшеної тривалості періоду вегетації. Модель ранньостиглої групи гібридів кукурудзи в умовах зрошеного землеробства повинна мати за оптимальних технологічних умов генетичний потенціал врожаю зерна 11 т/га.

Останнім часом південь України характеризується тим, що на його території основна кількість вирощуваних гібридів кукурудзи належить до середньоранньої групи ФАО 200-290. Генотипи цієї групи мають високу потенційну врожайність, вегетаційний період триває короткий період в умовах Південного Степу (100-110 днів), невибагливі до агротехнічного забезпечення, в результаті чого гарантоване щорічне визрівання. За оптимальних умов вирощування і дотриманням технології вирощування гібриди кукурудзи середньоранньої групи стиглості повинні мати урожайність зерна в межах 12,0 т/га.

Головним важливим елементом рентабельного виробництва середньостиглих гібридів є збирання врожаю прямим обмолотом, що забезпечує економію коштів на досушування, за рахунок низької збиральної вологості зерна. Гібриди середньостиглої моделі високоврожайні, про це свідчать високі показники продуктивності: урожайність зерна складає 13,0 т/га.

Гібриди кукурудзи цієї групи стиглості повинні мати потенційну можливість утворювати рослини з двома качанами.

Важливим фактором ефективної селекції є розробка гетерозисної моделі і використання сучасної зародкової плазми. Створення принципово нових адаптивних гібридів кукурудзи вимагає використання традиційних гетерозисних моделей та створення нових елітних ліній на основі змішаних зародкових плазм, що формуються на підставі нових промислових гібридів. Аналіз використання за останні роки основних зародкових плазм показав, що поряд з традиційними гетерозисними групами збільшується частка ліній, що створюються на основі нових комерційних гібридів, так звана «змішана плазма». Слід зауважити, що основні зародкові плазми збереглися на сьогодні в робочих колекціях в досить модифікованому стані, і іноді вдається отримувати гібриди з достатньо високим рівнем конкурсного гетерозису і в межах однієї вихідної плазми.

Формування максимальної врожайності гібриду залежить від ряду факторів, одним з яких є зона вирощування, де ресурси зовнішнього середовища відповідають біологічному оптимуму генотипу. Для кожного регіону існують свої оптимальні моделі нових гібридів кукурудзи і у відповідності з цим, проводиться селекційна робота. На основі розроблених моделей були створені нові гібриди кукурудзи, що мають адаптованість до умов зрошення (або достатнього природного вологозабезпечення) і високий потенціал продуктивності.

Ключові слова: кукурудза, морфо-фізіологічна модель, гібрид, зрошення, група стиглості за FAO, урожайність.

УДК 633.854.78:631.524.5

МАХОВА Т. В., БІЛОЗУБ Г. С., ВЕДМЕДСВА К. В.

Інститут олійних культур НААН України
м.Запоріжжя, с. Сонячне, вул. Інститутська 1,
e-mail Vedmedeva_k@mail.ru

ГЕНЕТИЧНА КОЛЕКЦІЯ ЛІНІЙ СОНЯШНИКА ЗА ОЗНАКОЮ РОЗГАЛУЖЕННЯ

Для виробництва гібридів соняшнику широко використовується в батьківських лініях ознака розгалуження. Зазвичай це верхнє розгалуження. Воно зумовлено одним рецесивним геном «br₁». Але ті лінії з ознакою розгалуження частіше за все не ідентифіковано генетично і для більшості випадків не можна стверджувати про використання тільки одного гена. Нами вже зустрічалися виробничі гібриди, яким характерні слабкі бічні пагони в серединній або нижній частині стебла. В деякі роки вони мають дуже сильний розвиток. Тому було розпочато роботу зі збору колекції і генетичної ідентифікації ліній з ознакою розгалуження.

Колекція ліній соняшнику в лабораторії генетики і генетичних ресурсів становить 503 зразка. При описі зразків нами використовувалася формула опису розгалуження у вигляді трьох градацій апікального, медіального і базального. Так само окремі зразки були позначені як такі що володіють суцільним розгалуженням. Описані типи розгалуження були включені в схеми схрещування, що дозволило вивчити успадкування різних типів розгалуження. Вивчено успадкування 45 ліній з різними типами розгалуження. Проведена генетична ідентифікація за ознакою розгалуження вивчених ліній та встановлено три генетично детермінованих типи цієї ознаки. Базальне -

обумовлене одним рецесивним геном. Медіальне - обумовлене одним рецесивним геном з декількома алелями. Суцільне - обумовлене домінантним геном (можливо кількома). У групі із суцільним розгалуженням рослин при вивченні виділяються зразки, які об'єднують кілька генів розгалуження одночасно. Встановлено, що одні й ті ж гени в різній генетичній середовищі морфологічно виявляють себе по-різному. Крім того, на прояв ознаки розгалуження впливають умови зростання, в першу чергу густина стояння рослин. У лініях при розрідженому посіві спостерігається незначне збільшення числа бічних пагонів і в деяких випадках сильне збільшення їх довжини і діаметру бічних кошиків.

Медіальне розгалуження проявляється в основному як розгалуження в середньо - верхній частині стебла, не зачіпаючи перші дві пазухи листя під кошиком. Наявність бічних гілок в перших двох пазухах листків практично завжди вказувало на наявність домінантного гена суцільного розгалуження. У той же час рецесивне медіальне розгалуження при розріджені посадках мало бічні гілки по всій висоті рослини, крім верхніх двох і найнижчих пазух листя. Розгалуження, що спостерігається в нижніх пазухах листя, обумовлено одним рецесивним геном. У деяких лініях воно проявляється у вигляді одного-двох пагонів, що закінчуються кошиками, близькими за розмірами до центральної. Іноді спостерігається більше число пагонів різних розмірів, самі нижні з яких мають великі кошики, хоча розмір бічних кошиків в цьому випадку набагато менше.

Крім вищезазначених ознак розгалуження, в колекціях Інституту є зразки з ознакою дихотомічного розгалуження. Була встановлена неповна експресивність рецесивного гена, контролюючого цю ознаку. Наші спостереження підтверджують ці дані. Крім того, в колекції знайдений зразок з неповною експресивністю рецесивного гена медіально - базального розгалуження.

Ключові слова: соняшник, лінія, розгалуження, успадкування, колекція.

УДК 633.34:631.95(477)

МУРСАКАЄВ. Е. Ш.

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення,

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

e-mail: Eldar.mursakaev@mail.ru

ВИЗНАЧЕННЯ АЗОТФІКСУВАЛЬНОГО ПОТЕНЦІАЛУ СОРТОЗРАЗКІВ СОЇ ПРИ ВИКОРИСТАНІ РІЗНИХ ШТАМІВ БУЛЬБОЧКОВИХ БАКТЕРІЙ

В умовах сучасного світу зернобобові культури є найбільш дешевим джерелом рослинного білка. Серед них соя займає визначне місце, оскільки її насіння містить 40-42% білка, до складу якого входить 7-8 % лізину(незамінна амінокислота). На сьогоднішній день посівні площі сої в світі займають близько 120,3 млн. га.

Велику увагу заслуговує унікальна здатність сої, як і інших зернобобових культур, вступати в симбіотичний зв'язок з ґрунтовими бактеріями роду *Rhizobium*, в результаті чого відбувається конвертація повітряного азоту в форму, яка доступна для використання рослинам. Зв'язування молекулярного азоту із повітря є досить складним біологічним процесом, у якому синхронно взаємодіють генетичні системи макро- і мікросимбіонтів. Також на рівень біологічної азотфіксації значно впливають такі фактори як наявність вологи в ґрунті, температура, відносна вологість повітря, концентрація мінерального азоту, активність фотосинтезу рослини-господаря. Бульбочкові бактерії сприяють підвищенню врожайності, захисту навколишнього середовища від

забрудненням неорганічними сполуками, позитивно впливають на біохімічні процеси в ґрунті.

Мета дослідження полягала в визначенні високоефективних комбінації макро- і мікро симбіонтів. Для її досягнення провели випробування сортозразків на азотфіксувальну здатність при використанні різних штамів бульбочкових бактерій. На початкових етапах роботи було підібрано п'ять сортів: Сяйво, Ятрань, Васильківська, Мельпомена, Данко. Насіння, яких інокулювали двома стандартними штамми 646 та 634б і двома експериментальними штамми Т21-2, РС-08. На стадії повного цвітіння викопували 30 рослин кожної комбінації, рахували кількість та масу бульбочок. Також визначалася нітрогеназна активність та проводився аналіз елементів продуктивності.

Після проведення статистичних обрахунків отримали такі дані: за кількістю та масою бульбочок у сортів Васильківська та Сяйво найвищі показники показали штамми Т21-2 і РС-08, при чому експериментальні результати штамів РС-08 і 634б суттєво не різняться. Для сорту Данко найкращими виявилися штамми Т21-2 та 646, для сорту Ятрань РС-08 та 646, для сорту Мельпомена 634 б та 646. Позитивний вплив при використанні всіх штамів на господарсько-цінні ознаки виявив лише сорт Ятрань, в інших сортів не встановили значних змін за цими показниками, порівняно з рослинами, насіння яких не було інукульоване штамми бульбочкових бактерій.

Актуальність даної теми полягає в можливості значно зменшити енергетичні затрати на одиницю виробленої продукції за рахунок економії азотних добрив. Крім того, внесення великої кількості азотних добрив погіршує екологічну ситуацію внаслідок неповного їх використання рослинами і перетворення в нітрати. Виконання цієї наукової роботи дасть змогу встановити залежність між такими показниками, як показником: "кількість бульбочок", "маса бульбочок" та "нітрогеназна активність" в залежності від

умов довкілля, а також проаналізувати формування таких господарсько-цінних ознак, як площа листової поверхні, висота прикріплення нижнього бобу за інокуляції насіння перед сівбою різними штамми бульбочкових бактерій. З'ясувати вплив штамів бульбочкових бактерій на вміст білка, основних його фракції та співвідношення амінокислот в насінні сої.

Ключові слова: азотфіксація, макро- і мікросимбіонти, нітрогеназна активність.

УДК 633.11:575.113

**НЕПЛІЙ Л. В., ТЕРНОВИЙ К. П., ГАЛАСЬ А. В., БЕСАРАБ Г. В.,
САУЛЯК Н. І., БАБАЯНЦ О. В., БАБАЯНЦ Л. Т.**

Селекційно-генетичний інститут – національний центр насіннезнавства та сортовивчення

м. Одеса, вул. Овідіопольська дорога, 3, 65036;

e-mail: phyto_lab@ukr.net , тел: (048) 7895-225

ГЕН ТОЛЕРАНТНОСТІ *BDVI* ДО ВЖКЯ У ЛІНІЯХ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ОДЕСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ

У світі жовта карликовість ячменю являється однією із поширених і шкодочинних вірусних захворювань злакових культур на Україні і пшениці зокрема.

Вірус жовтої карликовості ячменю – ВЖКЯ виявлений після шкодочинних спалахів хвороби, переносниками якого являються попелиці. На півдні України в агроценозах зернових колосових культур основними і домінуючими переносниками являються *Rhopalosiphum padi* L. та *Sitobion*

avenae F., які переносять основний штам *BYDV-PAV*. Інтенсивність льоту крилатих особин обох видів посилюється, звичайно, в тихі теплі дні, у вечірні години. В окремі дні протягом доби на посіви приліталоє так багато попелиць, що їх чисельність збільшується від 80 до 3720 екз./м².

ВЖКЯ передається попелицями персистентно, циркулює, але не розмножується в організмі комахи. У рослині вірус локалізується у флоемі. У комаху вірус потрапляє з соком із клітин флоєми. Вірус, після проходження заднього відділу кишечника комахи, потрапляє в гемоціль, а після циркуляції в гемолімфі концентрується в слинних залозах. Під час живлення комахи на рослині вірус зі слиною потрапляє у флоему. Мінімальний період харчування попелиць на рослинах, необхідних для зараження ВЖКЯ, складає від 17 хвилин до 3-х годин. Напрямок руху вірусу в рослині часто корелює з транспортом вуглеводів, а рух із клітини в клітину відбувається через мезофіл

На зернових колосових культурах весною жовта карликовість проявляється характерними симптомами. Симптоми жовтої карликовості ячменю на ячмені – це золотисто-жовтий колір листя, уповільнення росту; на пшениці перші ознаки хвороби – більш темний, порівняно з нормальним, колір листя; уражений овес має червоне листя; у інфікованої кукурудзи листки темно-червоні, навіть пурпурові, часто спостерігається карликовість.

Жовта карликовість негативно впливає на фізіологічний стан рослин, при цьому знижується врожайність. ВЖКЯ призводить до 10% щорічних втрат врожаю, а в роки епіфітотій – до 60-90%. Тому його ще називають «жовтою чумою злаків». Вірус жовтої карликовості ячменю циркулює в природі протягом року.

До основного заходу захисту проти ВЖКЯ належать виведення стійких та толерантних сортів пшениці. У Селекційно-генетичному інституті ведуться селекційні роботи по створенню сортів пшениці стійких та толерантних до збудників хвороб, у тому числі і до ВЖКЯ. Залучаючи донори та носії гена

толерантності *Bdv1* у селекційні програми було створенно цінний селекційний матеріал під керівництвом провідного наукового співробітника відділу фітопатології та ентомології Бабаянц Лазаря Тиграновича. Генетиками Селекційно-генетичного інституту проведено молекулярний скринінг ліній пшениці м'якої на присутність гена толерантності до ВЖКЯ *Bdv1*. Цей ген виявлений у п'яти лініях озимої пшениці фіто 13/16, фіто 68/16, фіто 116/14, фіто 169/16, фіто 177/16. Дані лінії рекомендуємо застосовувати у подальших селекційних схемах для створення стійких та толерантних сортів пшениці до ВЖКЯ.

Ключові слова: ВЖКЯ, ген толерантності Bdv1, лінії озимої пшениці, попелиці, штам BYDV-PAV

УДК 633.11:57.085.23

ПИКАЛО С. В.

Миронівський інститут пшениці імені В.М. Ремесла НААН України

08853, с. Центральне, Миронівський р-н, Київська обл.

e-mail pykserg@ukr.net, 097 659 12 65

ІНДУКЦІЯ ХРОМОСОМНИХ АБЕРАЦІЙ У КАЛІУСНИХ КЛІТИНАХ ТРИТИКАЛЕ ОЗИМОГО, КУЛЬТИВОВАНИХ ЗА УМОВ СОЛЬОВОГО СТРЕСУ

Тритикале вдало поєднує в собі позитивні властивості пшениці і жита, тому останнім часом знаходить все більш широке застосування в хлібопекарській та кондитерській промисловості, пивоварінні та приготуванні комбікормів. Сучасні сорти тритикале повинні мати не лише високу

врожайність, але і достатній потенціал адаптації до несприятливих факторів зовнішнього середовища, в тому числі до засолення ґрунтів. Шкідлива дія засолення має комплексний характер і обумовлена як порушенням осмотичного балансу клітини, так і прямим токсичним впливом на фізіологічні та біохімічні процеси в клітині. Відомо, що при дії солей відбувається ряд морфологічних і цитогенетичних змін в клітинах, культивованих *in vitro*. Мета роботи – визначити і проаналізувати частоту і спектр хромосомних аберацій в калюсних клітинах тритикале озимого, культивованих в умовах сольового стресу, з використанням хлориду натрію в якості стрес-чинника.

Матеріалом досліджень були калюси, отримані з експлантів верхівки пагонів 3-добових стерильних проростків озимого гексаплоїдного тритикале лінії 38/1296. Калюси висаджували на середовище Мурасіге-Скуга з сублетальною концентрацією NaCl (1,2 %), встановленою нами в попередніх дослідженнях. Контролем слугували калюсні культури, культивовані на середовищі без NaCl. Цитогенетичний аналіз калюсів проводили на 5-7 добу культивування в I, III і VI пасажах за стандартною методикою. Аналізували по 100-150 анафазних пластинок в кожному варіанті досліду. При цьому визначали спектр і частоту структурних перебудов хромосом. Експериментально отримані дані обробляли методами статистичного аналізу.

Наявність у середовищі сублетальної концентрації хлориду натрію призводило до підвищення частоти хромосомних аберацій. У першому пасажі кількість клітин з абераціями у контролі була на рівні 5,3 %, в той час як у досліді цей показник був втричі вищий – 17,6 %. Це свідчить про те, що високі концентрації NaCl мають виражений кластогенний ефект на калюсні культури тритикале. Переважна більшість аберацій виявлена в клітинах у вигляді хроматидних мостів і фрагментів. Значна кількість аберацій в експерименті представлена у вигляді саме хроматидних мостів, що свідчить про збереження в клітинних поколіннях дицентричних хромосом. Відомо, що реалізовані

пошкодження хромосом виявляються у вигляді фрагментів і мостів, як правило, в анафазі цього ж клітинного циклу. У наших дослідженнях сумарна кількість аберантних анафаз з фрагментами становила близько 65 % – тобто в спектрі клітинних пошкоджень переважали "свіжі" розриви. Достовірне збільшення їх кількості свідчить про значний вплив хлориду натрію на хромосомний апарат клітин і його кластогенний ефект в сублетальній концентрації. Були виділені клітини з множинними порушеннями, тобто такі, які несуть одночасно мости і фрагменти. Протягом третього пасажу в дослідних калюсах кількість клітин з абераціями істотно не змінилося, проте була вдвічі більшою, ніж у контролі. У шостому пасажі частота хромосомних аберацій достовірно не змінилася, навіть трохи знизилася порівняно з першим пасажем. Це може бути обумовлено певною адаптацією клітинної популяції до стресових умов.

Таким чином, цитогенетичний аналіз показав високий ступінь гетерогенності та значні відмінності за цитологічними показниками між калюсними культурами, культивованими на селективному і контрольному середовищах. Встановлено, що сублетальна концентрація хлориду натрію спричиняє кластогенний ефект і призводить до появи в калюсних клітинах хромосомних аберацій, спектр яких найчастіше був представлений фрагментами і мостами.

Ключова слова: Triticale, сольовий стрес, калюсні культури, хромосомні аберації.

УДК 633.11+581.1.035.2:526

ПОГРЕБНЮК О. О., БАЛАШОВА І. А., ФАЙТ В. І.

Селекційно-генетичний інститут—Національний центр насіннезнавства і
сортовивчення

65036 Одеса, Овідіопольська дорога, 3

e-mail: faygen@ukr.net , тел. 048-789-54-61

ВПЛИВ РІЗНИХ РЕЦЕСИВНИХ АЛЕЛІВ ГЕНА *PPD-D1* НА ЧАС КОЛОСІННЯ ТА ІНШІ ОЗНАКИ РЕКОМБІНАНТНО – ІНБРЕДНИХ ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ

Різноманіття генів *Ppd-1* відіграє важливу роль у визначенні відмінностей за адаптивністю та продуктивністю в багатьох регіонах вирощування пшениці в Європі. В умовах Степу України домінуючий алель гену *Ppd-D1* сприяє суттєвому скороченню тривалості періоду до колосіння, зниженню висоти рослин та зростанню урожаю зерна. В той же час ефекти різних рецесивних алелів вказаного гену, а саме алелів *Ppd-D1b*, *Ppd-D1d* не визначені.

Мета даного дослідження полягала в ідентифікації рецесивних алелів гену *Ppd-D1b* і *Ppd-D1d* та визначенні їх ефектів за комплексом агрономічно важливих ознак з використанням 64 рекомбінантно-інбредних ліній комбінації схрещування Оренбурзька 48/Cappelle Desprez 2В при оцінці в умовах 2011–2013 років.

При проведенні ПЛР з праймерами *Ppd-D1_F1* и *Ppd-D1_R1* у сорту Оренбурзька 48 та лінії Cappelle Desprez 2В і створених на їх основі 64 рекомбінантно-інбредних ліній виявлений маркерний фрагмент довжиною 414 п.н., наявність якого визначає рецесивний стан гену *Ppd-D1*. При інтактному стані промотору та наявності делеції 5 п.н. у екзоні 7 при алель-специфічній

STS-ПЛР за маркерним фрагментом 179 п.н. встановили присутність у генотипі сорту Оренбурзька 48 та 10 РІЛ рецесивного алелю *Ppd-D1d*. Наявність фрагмента 184 п.н. свідчила про відсутність вказаної вище делеції та присутність у генотипі рекомбінантно-заміщеної за 2В хромосоною лінії сорту *Carrelle Desprez* і 39 РІЛ рецесивного алелю *Ppd-D1b*. У 17 РІЛ на електрофореграммі виявлені маркерні продукти, такі як 179, так і 184 п.н., тобто вони є гетерозиготами.

У середньому лінії-носії алелю *Ppd-D1b* колосились на 53,0 та 78,2 добу в умовах природнього та скороченого днів, відповідно. Колосіння ліній з алелем *Ppd-D1d* відмічали на 56,2 та 84,2 добу, відповідно. Різниця між групами ліній-носіїв різних алелів в умовах природнього дня складала 3,2, а скороченого 6,0 діб. Однак виявлені відмінності виявилися неістотними. Разом з тим фотоперіодична чутливість (різниця за часом колосіння між природнім та скороченим днем) ліній з алелем *Ppd-D1b* складала 25,2 доби, що дещо менше, але не суттєво, такої ліній-носіїв *Ppd-D1d* - 27,5 діб. Більш ранній час колосіння генотипів-носіїв алелю *Ppd-D1b* на 1,2 - 1,3 доби порівняно з такими носіями алелю *Ppd-D1d* відмічали і в польових умовах при осінньому посіві, але лише в умовах 2011 року воно було суттєвим.

Дещо подібну картину спостерігали і за ознакою “урожай зерна з ділянки“. З трьох років вивчення тільки в умовах 2013 року *Ppd-D1b* генотипи сформували істотно більший урожай (0,367 кг/м²) порівняно с такими носіями *Ppd-D1d* (0,307 кг/м²). Аналогічну тенденцію за урожаєм зерна відмітили і в умовах 2011 року, а у 2012 році – протилежну. При цьому за всі три роки не виявили впливу генотипу (генетичних відмінностей між субнаборами рекомбінантно-інбредних ліній з присутністю алелю *Ppd-D1b* або *Ppd-D1d*) на компоненти врожаю, зокрема на масу та кількість зерен колоса, кількість продуктивних пагонів на одиницю площі, масу тисячі зерен та коефіцієнт господарського використання біомаси.

При штучному проморожуванні паростків (-12° С) та рослин у фазі кущіння, відібраних з поля у січні 2011 (-14°С) та 2013 (-14°С) і березні 2012 (-13°С) років відмінності за морозостійкістю виявилися не істотними. Лише у березні 2013 року (-13°С) генотипи *Ppd-D1d* характеризувалися суттєво більшою стійкістю до морозу (92,6% живих рослин) відносно таких *Ppd-D1b* (83,8 %).

Ключова слова: пшениця, фотоперіод, ген Ppd-D1.

УДК 581.192:633.15

ПСЬОЛОВА А. О., САТАРОВА Т. М.

Державна установа Інститут зернових культур НААН України

e-mail: annapselova@gmail.com, +380955424281

АЛЕЛЬНИЙ СТАН SSR-МАРКЕРІВ ГЕНІВ *PL1* ТА *B1* ПРИ СЕЛЕКЦІЇ НА ПІДВИЩЕНИЙ ВМІСТ АНТОЦІАНІВ В ЗЕРНІ КУКУРУДЗИ

Антоціани – пігменти цегельного, червоного, пурпурного і синього кольору, які відносяться до групи вітамінів Р і є важливими компонентами харчування людини і тварин через антиоксидантні властивості. Антоціани мають індикаторні якості: в нейтральному середовищі вони набувають синьо-фіолетового забарвлення, а в лужному – жовто-зеленого [Карабанов, 1981]. Солі антоціанів і антоціанідинів мають червоний колір. Антоціанідини, на відміну від антоціанів, не містять залишків цукру.

Селекція кукурудзи, в тому числі і MAS, на підвищений вміст антоціанів в зерні, є актуальним завданням для виробництва функціональних продуктів.

На даний момент добре вивчено шлях біосинтезу антоціанів, в ході якого утворюється п'ять антоціанідинів: ціанідин (синьо-червоного кольору), пеларгонідин (цегельного кольору), дельфінідин (синього кольору), мальвідин і пеонідин (пурпурного кольору). На відтінки забарвлення рослин та їх окремих органів впливають мутації в структурних та регуляторних генах біосинтезу антоціанів.

Метою нашої роботи було виявлення алельного стану SSR-маркерів генів біосинтезу антоціанів у різних за кольором зерна зразків кукурудзи за допомогою ПЛР-аналізу.

Для визначення та відбору рослин кукурудзи за ознакою антоціанового забарвлення зерна, з високим вмістом антоціанових пігментів нами були обрані за літературними даними: регуляторний ген *pl1* (*purple plant 1*), який в доміантному стані забезпечує пурпурне забарвлення зерна, та ген *b1* (*booster 1*), який в доміантному стані контролює червоний колір зерна. Для дослідження алельного стану цих генів нами використовувалися SSR-маркери *pc009* та *bnlg1064* відповідно [Nagy et al., 2009; Lago et al., 2014]. Так як в літературних джерелах інформацію про довжину ампліконів для даних маркерів не виявлено, ми дослідили зв'язок кольору зерна, вмісту антоціанів і довжини ампліконів.

Як матеріал для дослідження було взято лінію A188 з білим кольором зерна та загальним вмістом антоціанів 1237,55 мг / кг зерна, лінію AіД121 з жовтим кольором зерна та загальним вмістом антоціанів 1126,76 мг / кг зерна та популяцію «Чорностеблова» з пурпурним кольором зерна та загальним вмістом антоціанів 1755,68 мг / кг зерна. ДНК ізолювали із 7-добових проростків, електрофорез продуктів ампліфікації проводили в агарозному гелі, візуалізацію та визначення довжини ампліконів вели за допомогою пристрою для візуалізації GelDoc EZ .

В результаті ПЛР-аналізу за маркером ps009 до гена *p11* виявлені амплікони: у A188 – 127 п.н., у AіД121 – 139 п.н., а у «Чорностеблової» – 112 п.н. Ампліфікація за маркером bnlgl064 до гена *b1* дозволила отримати амплікони наступної довжини: у A188 – 182 п.н., у AіД121 – 193 п.н., а у «Чорностеблової» – 185 п.н. Тобто, у генотипах кукурудзи з різним кольором зерна виявлено різні алельні варіанти маркерів до генів *p11* та *b1*. Для популяції з пурпурним зерном і підвищеним вмістом антоціанів («Чорностеблова») характерні алелі маркера ps009 до гена *p11* – 112 п.н. та маркера bnlgl064 до гена *b1* – 185 п.н. Їх довжина відрізняється від довжини алелей маркерів до генів *p11* та *b1* у зразків з відсутністю антоціанового забарвлення зерна. Алелі маркерів ps009 та bnlgl064 до генів *p11* та *b1*, відповідно 112 п.н. та 185 п.н., виявлені у селекційного зразка кукурудзи з пурпурним кольором зерна та високим вмістом антоціанів, можуть бути використані в селекції на підвищений вміст антоціанів в зерні кукурудзи.

Ключові слова: кукурудза, антоціани, ген, MAS-селекція, ПЛР.

УДК 633.11:631.524.86

**САУЛЯК Н. І., ТЕРНОВИЙ К. П., БАБАЯНЦ О. В., БАБАЯНЦ Л. Т.,
ГАЛАЄВ О. В.**

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення, м. Одеса, Овідіопольська дорога, 3; 65036,

e-mail: nadjasauljak@gmail.com

**СТІЙКІСТЬ ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ДО ЗБУДНИКУ БУРОЇ
ІРЖІ ТА ЇЇ ГЕНЕТИЧНА ОСНОВА**

В Селекційно-генетичному інституті – Національному центрі насіннезнавства та сортовивчення створені лінії пшениці м'якої озимої, котрі

володіють високою стійкістю бурої іржі (*Puccinia triticinia*). За допомогою методів гібридологічного та ПЛР аналізів була встановлена їх генетична основа стійкості та проведена ідентифікація *Lr*-генів, які відповідають за дану властивість.

Стойкість лінії фіто 4/16 (4/15) контролюється комплексом *Lr 21 + Lr 24 + Lr^{Amigo}* генів. Стойкість лінії фіто 13/16, яка походить від сорту Волинська напівінтенсивна (фіто 57/12, фіто 30/14, фіто 20/15), контролюється комплексом наступних генів *Lr 10 + Lr26+Lr34+Lr68*. Стойкість лінії фіто 14/16, яка також походить від сорту Волинська напівінтенсивна контролюється комплексом генів *Lr10+ Lr20 + Lr21 + Lr26+ Lr68*. У лінії фіто 19/16 (43/14) за допомогою ПЛР-аналізу було виявлено, що стійкість контролюється комплексом таких генів: *Lr 10 + Lr24 + Lr 68*, а у лінії фіто 68/16 (67/14), яка походить від сорту Купава, стійкість контролюється генами *Lr 10 + Lr34+ Lr68*. У лінії фіто 117/16 (96/14), яка походить від чеського сорту Raduza і стійкість контролюється комплексом наступних генів – *Lr21 + Lr 24 + Lr 68 + Lr^{Amigo}*. У двох фітоліній 116/15 та 177/16 спостерігається подібний комплекс генів, який контролює стійкість цих ліній: *Lr10+Lr 20+ Lr 26 + Lr 34 + Lr68*. Аналізуючи стійкість лінії фіто 169/16 (100/14) було визначено, що стійкість даних ліній контролюється комплексом генів *Lr 10 + Lr34*.

Встановлено, що серед усіх представлених комбінацій генів 3 гени, котрі відповідають за вікову стійкість *Lr 24*, *Lr^{Amigo}*, *Lr 68 (Lr P)*, всі інші гени самостійною ефективністю на даний момент не володіють, але в комплексі з іншими генами показують високу стійкість, як в ювенільній фазі, так і в фазі дорослої рослини.

Ген *Lr 24* походить від *Agropyron elongatum*, локалізований в хромосомі 3DL. На території України він забезпечує рослинам вікову стійкість. Інтенсивність ураження флагового та передфлагового листа дорослої рослини

змінюється від 5 до 25 %. Сорти-носії даного гену можна використовувати в якості донорів вікової стійкості.

Lr^{Amigo} перенесений в хромосому 1 RS жита сорту Insave. На території України ген ефективний. В популяції патогену до носія цього гену є вірулентні раси, але вони не агресивні. Сорти та форми з даним геном рекомендуємо використовувати в якості донорів стійкості.

Ген *Lr 68 (Lr P)* походить від бразильського сорту Frontana та відповідає за вікову стійкість. Комплекс генів *Lr 68 + Lr34* показує більш високу ефективність, чим окремо.

Підсумовуючи проведені дослідження можна вказати на те, що взаємодія генів дає в результаті більш високу стійкість в ювенільній фазі розвитку і в фазі дорослої рослини. Що в результаті указує на те, що дані лінії з успіхом можуть бути використані в селекції пшениці м'якої озимої на імунітет в якості донорів стійкості бурої іржі.

Ключові слова: стійкість, ген, пшениця, комплекс.

УДК. 633.15

СЛІЩУК Г. І.

Селекційно-генетичний інститут - Національний центр насіннезнавства та сортовивчення, вул. Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса,

e-mail: geoncrfqq@gmail.com

БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНА HSBP1 ПРОТЕЇНУ, ЩО ЗВ'ЯЗУЄ ФАКТОР ТЕПЛОВОГО ШОКУ КУКУРУДЗИ (*ZEA MAYS* L.)

Стійкість до абіотичних стресових факторів, зокрема до жари та посухи, є одними із найактуальніших питань як в практичному плані, бо сучасна селекція

на продуктивність фактично вже дійшла до межі біологічної продуктивності рослин, через що єдиний шлях подальшого підвищення продуктивності сільськогосподарських рослин непрямої – через збільшення стійкості рослин до біотичних та абіотичних факторів, так і в теоретичному плані. Стійкість до абіотичних факторів є комплексом специфічних та неспецифічних відповідей рослини на стрес, механізми більшості з яких є невивченими. Враховуючи те, що кукурудза (*Zea mays* L.), з одного боку, є класичним модельним генетичним об'єктом, а з другого – найважливішою сільськогосподарською культурою, дослідження генів, асоційованих зі стійкістю до жару та посухи, є актуальним.

Протеїни, що зв'язують фактор теплового шоку *heat shock factor-binding protein 1 (hsbp1)*, вперше описані у тварин і потім знайдені у рослин, відіграють ключову роль на ембріональних стадіях розвитку рослин та тварин, забезпечуючи реакцію на абіотичний стрес. Ці протеїни містять гідрофобний гептадний мотив та залучені в негативну регуляцію факторів теплового шоку, що в свою чергу вмикають синтез протеїнів теплового шоку (шаперонів). У рослин вони відіграють важливу роль у ранньому ембріогенезі, формуванні пагонів та зерна в умовах стресу.

Проаналізовано 100 нуклеотидних послідовностей гена протеїну, що зв'язує фактор теплового шоку *heat shock factor-binding protein 1 (hsbp1)* кукурудзи та гомологів (паралогів та ортологів) кукурудзи та інших злакових. Проведено локальне вирівнювання нуклеотидних послідовностей за допомогою BLAST, а також глобальне вирівнювання за алгоритмом Clustal програми MEGA.

Враховуючи його функцію, ген *hsbp1* виявився висококонсервативним, в кодуючих послідовностях не знайдено замінів нуклеотидів, лише інтрони та промоторні ділянки містили незначну кількість замінів. Найближчим гомологом виявився ген *hsbp2* кукурудзи, враховуючи їх високу гомологію, можна припустити, що ці гени є результатом дуплікації геному, а також спільну

функцію. Знайдено гомологи цього гена серед інших злакових, зокрема у сорго звичайного (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) та мишія італійського (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.). Цікавим фактом є те, що гомологи цих злакових є генами, що кодують протеїни з пентатрикопептидним мотивом.

Перспективним є подальше вивчення цих генів, а саме рівня транскрипції та поліморфізму промоторних ділянок з метою дослідження механізмів посухостійкості у кукурудзи.

Ключові слова: кукурудза, посухотолерантність, гени, молекулярні маркери, регуляція генів.

УДК 633.635.64

СУЧКОВА Ж. Е.

Український інститут експертизи сортів рослин, вул. Генерала Родимцева, 15,
м. Київ, 03041, Україна,

e-mail: suchkovaj@meta.ua

СТАН СЕЛЕКЦІЇ ТОМАТА ЗВИЧАЙНОГО (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L.) В УКРАЇНІ

Томат звичайний або їстівний (*Lycopersicon esculentum* Mill.) є важливою овочевою культурою, плоди якої містять велику кількість вітамінів (В1, В2, С, Р, РР), провітаміну А, цукрів, яблучної й лимонної кислоти, мінеральних речовин. Введення у культуру помідора відбулося в Європі в XVIII столітті. В результаті селекції помідор зараз характеризується підвищеною врожайністю, подовженим терміном зберігання плодів, комплексною стійкістю до захворювань, різноманіттю розмірів, забарвлення і форми плодів, масою

насіння, а також високими смаковими та технологічними якостями. Значний внесок в досягнення селекції томату зробили молекулярно-маркерні технології. Розробці функціональних ДНК-маркерів сприяло сиквенування ядерного геному томата, презентоване в 2012 році Консорціумом The Tomato Genome Consortium.

Найсучаснішою та найпотужнішою молекулярно-генетичною технологією є технологія редагування геномів, зокрема ZFN, TALEN, CRISPER/Cas9s. Вона має величезний потенціал як інструмент селекції рослин, який використовують для створення мутацій лише у цільових ділянках генів, що представляють інтерес. Технології TALEN і CRISPER/Cas9 успішно застосовуються і для томату (Lee, Ezura, 2016). Так, помідори з TALEN-модифікованим геном PROCERA, негативним регулятором гіберелін-сигналізації, показали очікувані високі та стрункі фенотипи; зміни в гені *SLAGO7* з використанням CRISPER/Cas9s вплинули на морфологію листя .

У зв'язку зі зміною клімату у бік потепління в Україні селекційний процес цієї культури спрямований на отримання більш жаростійких сортів, придатних до механізованого збирання, вирощування як у відкритому, так і захищеному ґрунті. На сьогодні виведення нових, високопродуктивних, цінних індетермінантних та детермінантних сортів і гібридів помідора їстівного забезпечує систематичне підвищення врожайності та якості плоду.

Для технології вирощування помідора велике значення має сівозміна, підготовка ґрунту, внесення добрив, вирощування розсади, а також догляд та правильне збирання врожаю (вручну, або із застосуванням транспортерів, платформ, а на великих площах – комбайнів). Кращими попередниками вважаються огірок, морква, цибуля, бобові та багаторічні трави, а гіршими – рослини родини пасльонових (*Solanaceae*).

Шляхом виведення високопродуктивних сортів помідора їстівного протягом 2000–2015 років вдалося досягти зростання врожайності до 10 т/га у відкритому ґрунті, 60–90 кг/м² у захищеному ґрунті.

До провідних селекційних установ, що займаються селекцією помідора їстівного належать: Інститут овочівництва та баштанництва НААН з мережею, Інститут зрошувального землеробства НААН з мережею, Черкаська державна сільськогосподарська дослідна станція НААН.

Станом на 16.06.2017 р. до Державного реєстру сортів рослин, придатних для поширення в Україні, занесені 448 сортів помідора їстівного, зокрема, 118 сортів української та 330 закордонної селекції. Найбільш поширеними з них є сорти: ‘Лагідний’, ‘Флора’, ‘Тришка’, ‘Господар’, ‘Кременчуцький’, ‘Любимий’, ‘Чайка’, ‘Кумач’, ‘Сармат’, ‘Інгумецький’, ‘Наддніпрянський’, ‘Кіммерієць’.

Ключові слова: томат, селекція, редагування геномів

УДК 633.15:631.527:57.017.3

ХІЛЬЧЕНКО С. В., БЕЛОУСОВ А. О.

Селекційно - генетичний інститут - Національний центр насіннізнавства та сортовивчення, Овідіопольська дорога, 3

e-mail: serg25041991@ukr.net, +380964393452

ДОСЛІДЖЕННЯ МОРФО-БІОЛОГІЧНИХ ОЗНАК ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ ПРИ СЕЛЕКЦІЇ НА АДАПТИВНІСТЬ

У зв'язку з глобальними змінами клімату у південному Степу України значно частішими стали жорсткі посухи з аномально високими температурами у літній період. У зв'язку з цим одним з найбільш пріоритетних напрямів

селекції на півдні України стає створення високоадаптивних ліній і гібридів кукурудзи. Одним з важливих, але мало досліджених у руслі цієї проблематики, питань є дослідження особливостей формування первинної ризосфери ліній кукурудзи при селекції на адаптивність. Важливість добору генотипу ліній і гібридів кукурудзи здатних ефективно формувати розвинуту і потужну первинну кореневу систему не викликає сумніву і є актуальним завданням при селекції на адаптивність. Ці передумови і були покладені в основу дослідження особливостей формування структурних параметрів зародкової кореневої системи у 28 субліній кукурудзи. Ця модельна вибірка була створена на основі 5 різних за походженням гібридних популяцій шляхом самозапилення і цілеспрямованого добору на мінімальну і максимальну довжину зернівки протягом 12 поколінь, починаючи з 2005 року.

Оцінювали наступні параметри первинної ризосфери: кількість корінців, їх середня довжина і вага. Визначали також довжину і вагу колеоптиля. Аналітична вибірка складала 25 зернин у чотирьох кратній повторності. Показники ознак фіксували на 3 і 6 добу. Дослідні зразки насіння розміщували у чашках Петрі в термостаті при 28 °С.

У результаті дослідження після 6 діб пророщування у всіх ліній було виявлено чіткий позитивний зв'язок між довжиною зернини і досліджуваними ознаками. У триденних проростках чітка кореляція спостерігалася лише за довжиною корінців і їх вагою і тільки лише у окремих генотипів. У решті зразків після 3 днів спостерігалися тільки тенденції розвитку ознак у зазначеному співвідношенні. Спостерігалися також аналогічні особливості і зв'язки у формуванні довжини і ваги колеоптелю.

Отримані експериментальні дані узагальнюються і обробляються статистично. Попередні результати дозволяють висунути цікаві гіпотези, у тому числі і такі, які обґрунтовують чіткий зв'язок добору на певні морфологічні ознаки з посухостійкістю і низькою збиральною вологістю зерна.

Ключові слова: кукурудза, селекція, адаптивність, морфологія, біологія, посухостійкість, сублінія, лінія.

УДК 575.113.2

ЧЕКАЛОВ В. А., ВОЛКОВА Н. Е.

Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннезнавства та сортовивчення

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

e-mail: v.a.chekalov@gmail.com, тел. 0688193638

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ МАРКЕРИ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ НУТУ ДО ГРИБА *FUSARIUM OXYSPORUM* SCHLECHT. F. SP. *CICERIS* РАСИ 1

В кліматичних умовах України фузаріозне в'янення нуту (*Cicer arietinum* L.) призводить до значних економічних збитків. Фузаріозне в'янення викликає гриб *Fusarium oxysporum* Schlecht. f. sp. *ciceris*. Маркер-супутній добір (Marker Assisted Selection, MAS), що використовує ДНК-маркери, тісно пов'язані з генами стійкості до фузаріозного в'янення, може використовуватися для моніторингу великої кількості зразків зародкової плазми нуту щодо присутності у них цих генів, без необхідності проводити польові дослідження та пірамідуючи їх у агрономічно цінні сорти.

Геном нуту складається із $2n = 2x = 16$ хромосом та має відносно невеликий розмір – 738,09 Mb (Varshney et al., 2013). Mayer et al. (1997) був першим, хто доповів про молекулярні маркери алелів та локусів, які пов'язані із фузаріозним в'яненням нуту.

Стійкість нуту до фузаріозного в'янення, яке викликає гриб *F. oxysporum* Schlecht. f. sp. *ciceris* раси 1, регулюється повторюваними рецесивними генами (Bayraktar, Dolar, 2012). В залежності від алельної конституції рослини у двох дубльованих локусах, це спричиняє синдром в'янення як на ранніх стадіях онтогенезу рослини (раннє в'янення), так і після етапу цвітіння (пізнє в'янення).

Наявність домінантного алеля в обох локусах ($H_1H_1H_2H_2$) призводить до розвитку раннього в'янення; наявність рецесивного алеля у гомозиготній формі в одному із цих двох локусів призводить до розвитку пізнього в'янення ($H_1H_1h_2h_2 / h_1h_1H_2H_2$), а рецесивні алелі в обох локусах ($h_1h_1h_2h_2$) надають повну стійкість до фузаріозного в'янення.

Молекулярно-генетичними маркерами генів стійкості нуту до фузаріозного в'янення, яке викликає гриб *F. oxysporum* Schlecht. f. sp. *ciceris* раси 1, є мікросателітні локуси TA59, TA96, TA27, TA110 (Iruela et al., 2006; Sharma, Muehlbauer, 2007; Gowda et al., 2009; Sabbavarapu et al., 2013).

Мета нашого дослідження полягала в аналізі зразків нуту за мікросателітним маркером TA59 методом полімеразної ланцюгової реакції.

Проведено молекулярно-генетичний аналіз 36 зразків ДНК ліній та сортів нуту (12 ліній з колекції National Plant Germplasm system та 24 сортозразків з колекції СГІ-НЦНС), охарактеризовані за рівнем стійкості до фузаріозного в'янення, за мікросателітним локусом TA59 (Winter et al., 1999). За даними літератури для «стійких» генотипів характерним є алель розміром 267 п.н., для «нестійких» - 255 п.н. За даними нашого дослідження для зразків 'Пам'ять', 'Антей', 'Красноградський 213', 14/12, 25/14, 69/12 встановлено наявність продуктів ампліфікації ДНК розміром 267 п.н. Ці зразки, крім сортів 'Антей' та 'Красноградський 213', демонструють рівень стійкості до фузаріозного в'янення вище середнього. Алель розміром 255 п.н. детектовано у сортах 'Тріумф' та 'Одісей' з середнім рівнем стійкості до фузаріозного в'янення. В решті сортозразків детектовано алелі інших розмірів. Відсутність чіткої асоціації певного алеля з рівнем стійкості потребує подальшого типування даних зразків за іншими маркерами генів стійкості як до раси 1 *F.oxysporum* f. sp. *ciceris*, так і до інших рас.

Ключові слова: нут, фузаріозне в'янення, молекулярні маркери, MAS.