НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ КЛІМАТИЧНО ОРІЄНТОВАНОГО СІЛЬСЬКОГО ГОСПОДАРСТВА
ВГО «УКРАЇНСЬКЕ ТОВАРИСТВО ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ імені М.І. ВАВИЛОВА»

Збірник матеріалів

І Міжнародної науково-практичної конференції

МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР: ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ

Одеса, Україна
2024

НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ КЛІМАТИЧНО ОРІЄНТОВАНОГО СІЛЬСЬКОГО ГОСПОДАРСТВА
ВГО «УКРАЇНСЬКЕ ТОВАРИСТВО ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ імені М.І. ВАВИЛОВА»

Збірник матеріалів

І Міжнародної науково-практичної конференції

МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР: ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ

12 грудня 2024 року
м. Одеса, Україна

NATIONAL ACADEMY OF AGRARIAN SCIENCES OF UKRAINE
INSTITUTE OF CLIMATE-SMART AGRICULTURE OF THE NATIONAL ACADEMY OF AGRARIAN SCIENCES OF UKRAINE
ALL-UKRAINIAN PUBLIC ORGANIZATION «VAVILOV SOCIETY OF GENETICISTS AND BREEDERS OF UKRAINE»

Conference materials

Ist International Scientific and Practical Conference

MOLECULAR GENETICS, BREEDING, AND BIOTECHNOLOGY OF AGRO-CULTURES: ACHIEVEMENTS AND CHALLENGES

December 12, 2024

Odesa, Ukraine

УДК 575:631.52

Рекомендовано до друку Вченою радою Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства Національної академії аграрних наук України
(протокол № 25 від 30 грудня 2024 року)

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ:

РОЇК Микола – доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, віце-президент Національної академії аграрних наук України

ВОЖЕГОВА Раїса – доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, директор Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН

ЛАВРИНЕНКО Юрій – доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, головний науковий співробітник відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН

КУНАХ Віктор – доктор біологічних наук, професор, член-кореспондент Національної академії наук України, завідувач відділу генетики клітинних популяцій Інституту молекулярної біології і генетики НАН України, президент ВГО «Українське товариство генетиків та селекціонерів імені М.І. Вавилова»

ВОЛКОВ Роман – доктор біологічних наук, професор, завідувач кафедри молекулярної генетики та біотехнології Чернівецького національного університету імені Юрія Федьковича

МАРЧЕНКО Тетяна – доктор сільськогосподарських наук, завідувач відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН

ВОЛКОВА Наталія – доктор біологічних наук, головний науковий співробітник відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН

ПІЛЯРСЬКА Олена – кандидат сільськогосподарських наук, старший дослідник, завідувач відділу маркетингу і міжнародної діяльності Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН

Збірник матеріалів І Міжнародної науково-практичної конференції «Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики», м. Одеса, Україна, 12 грудня 2024 року. Одеса: ІКОСГ НААН, 2024. 80 с.

У збірнику зібрані тези доповідей учасників І Міжнародної науково-практичної конференції «Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики». У матеріалах представлені дослідження стану вітчизняного агрокомплексу та практика передових установ щодо ефективності застосування сучасних інновацій в молекулярної генетиці, селекції, біотехнології та використання штучного інтелекту.

© Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства Національної академії аграрних наук України, 2024

UDC 575:631.52

Recommended for printing by the Academic Council of the Institute of climate-smart agriculture of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine

(Protocol No. 25 from December 30, 2024)

EDITORIAL BOARD:

Mykola ROYIK – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of NAAS, Vice-President of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine

Rayisa VOZHEHOVA – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of NAAS, Director of the Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Yurii LAVRYNENKO – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of NAAS, Senior Researcher of the Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Viktor KUNAKH – Doctor of Biological Sciences, Professor, Corresponding Member of the National Academy of Sciences of Ukraine, Head of the Department of Cell Population Genetics, Institute of Molecular Biology and Genetics of NAS of Ukraine, President of the All-Ukrainian Public Organization "Vavilov Society of Geneticists and Breeders of Ukraine"

Roman VOLKOV – Doctor of Biological Sciences, Professor, Head of the Department of Molecular Genetics and Biotechnology, Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University

Tetiana MARCHENKO – Doctor of Agricultural Sciences, Head of the Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Nataliia VOLKOVA – Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher, Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Olena PILIARSKA – Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher, Head of the Marketing and International Relations Department, Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Conference materials of Ist International Scientific and Practical Conference "Molecular Genetics, Breeding, and Biotechnology of Agro-Cultures: Achievements and Challenges", Odesa, Ukraine, December 12, 2024. ICSA NAAS, 2024. 80 p.

The conference materials contains abstracts of the participants of the Ist International Scientific and Practical Conference "Molecular Genetics, Breeding, and Biotechnology of Agro-Cultures: Achievements and Challenges." The materials present research on the state of the domestic agro-industrial complex and the practices of leading institutions regarding the effectiveness of the use of modern innovations in molecular genetics, breeding, biotechnology, and artificial intelligence applications.

© Institute of climate-smart agriculture of NAAS, 2024

ЗМІСТ

Геноміка та генетичне різноманіття рослин

THE ROLE OF VIRUSES IN GENOME EVOLUTION AND ADAPTATION 8
Kalendar R.N.

ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ УКРАЇНСЬКИХ ПОПУЛЯЦІЙ ІНВАЗІЙНИХ ВИДІВ РОДУ GALINSOGA 9
Близнюк К.Г., Тинкевич Ю.О., Шелифіст А.Є., Волков Р.А.

ЗАКОНОДАВСТВО ЄС ЩОДО РОСЛИН, СТВОРЕНИХ ЗА ВИКОРИСТАННЯ НОВИХ ГЕНОМНИХ ТЕХНОЛОГІЙ (NEW GENOMIC TECHNOLOGIES, NGT) 12
Волкова Н.Е., Захарова О.О.

ІДЕНТИФІКАЦІЯ УКРАЇНСЬКОГО СОРТУ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ З РЕКОМБІНАНТНОЮ ТРАНСЛОКАЦІЄЮ 1BL.1RS 15
Козуб Н.О., Созінова О.І., Созінов І.О., Дем'янова Н.О., Філенко О.Л., Блюм Я.Б.

ВИКОРИСТАННЯ МІКРОСАТЕЛІТНИХ МАРКЕРІВ ДЛЯ ІДЕНТИФІКАЦІЇ ПШЕНИЧНО-ЖИТНІХ ТРАНСЛОКАЦІЙ У РОСЛИН ПШЕНИЦІ 18
Король В.Р., Козуб Н.О

ТРАНСГРЕСИВНА МІНЛИВІСТЬ КІЛЬКОСТІ ЗЕРЕН ГОЛОВНОГО КОЛОСА У ПОПУЛЯЦІЙ F2 І F3 ЗА ГІБРИДИЗАЦІЙ РІЗНИХ ЕКОТИПІВ 20
Лозінський М.В., Зінченко С.В., Самойлик М.О., Устинова Г.Л., Філіцька О.О.

СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ СОРТІВ ПШЕНИЦІ ТВЕРДОЇ ОЗИМОЇ ЗА ПАРАМЕТРАМИ ПЛОЩІ ЛИСТКІВ 23
Любич В.В.

THE FREQUENCY OF THE CHROMOSOMAL ABERRATION UNDER GAMMA IRRADIATION OF DYPLOID AND TETRAPLOID FORMS OF THE TUBERS OF THE S. TUBEROSUM SPECIES 26
Machulskyi H.M.

ЗБАГАЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОГО РІЗНОМАНІТТЯ CYPERUS ESCULENTUS L.: СЕЛЕКЦІЙНИЙ АСПЕКТ 28
Позняк О.В., Чабан Л.В., Кондратенко С.І.

Маркер-асоційована селекція сільськогосподарських рослин

МІКРОСАТЕЛІТНИЙ АНАЛІЗ ГЕНОТИПІВ НУТУ ЗВИЧАЙНОГО (Cicer arietinum L.) 31
Волкова Н.Е., Сліщук Г.І., Вожегова Р.А., Марченко Т.Ю., Сергєєв Л.А.

СЕЛЕКЦІЯ ГЕНЕТИЧНО МАРКОВАНИХ ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ ЗІ СПАДКОВИМИ ТА ІНДУКОВАНИМИ ФОРМАМИ ПАРТЕНОГЕНЕЗА 33
Гайдаш О.Л., Зубов Д.С.

Біотехнології для підвищення продуктивності агрокультур, стійкості до стресів, адаптивності до змін клімату

GAMETIC SELECTION IN ANTHER CULTURE IN VITRO OF BARLEY INTERSPECIFIC HYBRIDS 36
Bilynska O.V.

EXOPOLYSACCHARIDES SYNTHESIS BY FOMITOPSIS BETULINA IN SUBMERGED CULTIVATION 40
Zaichenko T.O., Barshteyn V.Yu., Krupodorova T.A.

БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ТА СТРУКТУРА ГЕНІВ НИЗЬКОМОЛЕКУЛЯРНИХ БІЛКІВ ТЕПЛОВОГО ШОКУ (SHSP) У NICOTIANA SYLVESTRIS 43
Козуб Л.В., Панчук І.І.

Слава Україні!

FEATURES OF MICROCLONAL PROPAGATION OF GARDEN BLACKBERRY IN CULTURE IN VITRO 46
Kumanska Y., Sidorova I., Dubovyk N., Yurchenko A.
СПОСОБИ І ПРИЙОМИ КУЛЬТИВУВАННЯ ПРОМИСЛОВИХ КОНОПЕЛЬ СЕРЕДНЬОЄВРОПЕЙСЬКОГО ЕКОЛОГО-ГЕОГРАФІЧНОГО ТИПУ В КУЛЬТУРІ IN VITRO 48
Міщенко С.В., Лавриненко Ю.О., Марченко Т.Ю.
ЕКОЛОГІЧНІ УМОВИ ТА МІКРОБІОМ ВИНОГРАДНИКІВ І ПРОБЛЕМА ІДЕНТИФІКАЦІЇ ТЕРУАРУ 51
Мулюкіна Н.А., Ковальова І.А., Бузовська М.Б., Ляшенко Г.В., Герус Л.В., Мельник Е.Б., Попова Г.К., Байрактар В.М., Янсе Л.А., Тошіру Нагої
ОСОБЛИВОСТІ ІНДУКОВАНОЇ СТІЙКОСТІ КАРТОПЛІ ДО ПОСУХИ В КУЛЬТУРІ IN VITRO 54
Олійник Т.М., Бойко О.А.
ВИКОРИСТАННЯ ТЕРАПІЇ IN VITRO ДЛЯ УСУНЕННЯ ЛАТЕНТНИХ ВІРУСІВ КАРТОПЛІ 57
Олійник Т.М., Шпак В.А.
ІНДУКЦІЯ РЕГЕНЕРАЦІЇ ПАГОНІВ У ЛЬОНУ ОЛІЙНОГО ПІД ВПЛИВОМ РІЗНИХ ЦИТОКІНІНІВ 60
Сорока А.І.
ВПЛИВ ЕКСТРАКТІВ ПЛАЦЕНТИ НА СХОЖІСТЬ НАСІННЯ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ 63
Шевченко Н.О., Коваленко Г.В., Стрибуль Т.Ф., Чернобай Н.А.

Використання біоінформатичних підходів та нейромереж («штучний інтелект») як інструментів в сільському господарстві

БІОІНФОРМАТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА СТРЕС-ІНДУКОВАНОГО ТРАНСКРИПЦІЙНОГО ФАКТОРА DREB2B АНТАРКТИЧНОГО ЗЛАКУ DESCHAMPSIA ANTARCTICA 66
Бублик О.М., Андрєєв І.О., Кунах В.А.
INVOLVEMENT OF HSP PROTEINS IN DROUGHT RESPONSE, REVEALED VIA ANALYSIS OF TRANSCRIPTOMIC DATA, IN CHICKPEA (Cicer arietinum L.) 70
Slishchuk H.I., Volkova N.E., Vozhehova R.A., Marchenko T.Yu.
УДОСКОНАЛЕННЯ СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ СИСТЕМ ЗА ДОПОМОГОЮ ІННОВАЦІЙ У СФЕРІ ШІ, ТА БЛОКЧЕЙНУ 72
Щербаков С.С.

Молекулярна діагностика та ідентифікація патогенів рослин

МОЛЕКУЛЯРНА ВЕРИФІКАЦІЯ КУЛЬТУР ГРИБА ALTERNARIA ETHZEDIA E.G. SIMMONS (A. INFECTORIA SPECIES COMPLEX) З НАСІННЯ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ В УКРАЇНІ 75
Малишко В.В., Акулов О.Ю.

Геноміка та генетичне різноманіття рослин

THE ROLE OF VIRUSES IN GENOME EVOLUTION AND ADAPTATION

Kalendar R.N., PhD (Gen.)
National Laboratory Astana, Centre for Life Sciences, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan

The question of the living has always been a central scientific question and will occupy more and more of science in the future. It also includes biocommunication research that deals with sign-mediated interactions between cells, cellular elements, organs, and organisms, in which molecular biological, sociological, linguistic, and, finally, epistemological and philosophical aspects complement each other. One milliliter of seawater contains 1 million bacteria, 10 to 100 times as many viruses, and countless viral particles and RNA fragments, about the functions of which we know almost nothing in a systemic context. Although viruses can spread through the air, water, and soil, they remain functionally linked to their host organisms. They are part of the organism but not directly related to it spatially. As the phylogenetic analysis shows, practically all organisms of all kingdoms of organisms are infected with viruses or are densely populated by them from the very beginning of life. A better understanding of the genomes of viruses has shown that most of their genes are not found in animals, plants, or bacteria. 90% of virus genomes did not detect any relationship with known gene sequences, i.e., these are new viruses with their properties. This means that viruses can create complex genes. Mostly, they are assembled from pieces that mostly come from other viruses. The oceans are full of such viruses. Thus, viruses are a super genome with a high degree of variability. The recently discovered giant viruses represent a revolution in modern virology: these organisms are a transitional form between viruses and bacteria and, therefore, beneficial for our understanding of evolution. They are larger than many bacteria and have up to 2500 genes (Pandoravirus). The Pandoravirus genome contains a strange mixture of largely unknown nucleotide sequences; for 93% of pandora genes, there are no homologs in gene databases, which is a puzzle to explore. Horizontal gene transfer is widespread in animals and humans and gives rise to tens or hundreds of active genes. Surprisingly, horizontal gene transfer is uncommon and has contributed to the evolution of many, perhaps all, animals. New genetic combinations always reveal the basis for the "new" for innovative, adaptive, modification, and developmental processes. Human health also critically depends on the diversity of bacteria in our gut. Adaptation, evolution, and health are driven by genetic variation. All gene physiology, genetic recombination, translation, transcription, and transposition, as conserved within the eukaryotic cell, were originally external viral processes. Thus, viruses are, genetically, one of the decisive factors in evolutionary innovation and species diversity. Diversity is always an indicator of vital and healthy ecosystems.

Слава Україні!

ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ УКРАЇНСЬКИХ ПОПУЛЯЦІЙ ІНВАЗІЙНИХ ВИДІВ РОДУ *GALINSOGA*

Близнюк К.Г., Тинкевич Ю.О., к. б. н., **Шелифіст А.Є.,** к. б. н., доцент,
Волков Р.А., д. б. н., професор
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
м. Чернівці, Україна

Два види роду *Galinsoga*, *G. parviflora* Cav. та *G. quadriradiata* Ruiz & Pav. належать до найбільш успішних інвазійних рослин, які завдають суттєвої шкоди природним та агроекосистемам. Зокрема, вони є небезпечними бур'янами, які можуть викликати значні втрати врожаю бобових, капусти, томатів та полуниці [1]. Природний ареал цих інвазійних видів простягається від Північної до Південної Америки, а адвентивна частина ареалу охоплює всі материки, крім Антарктиди [2]. Не дивлячись на практичне значення *G. parviflora* та *G. quadriradiata*, генетичне різноманіття європейських популяцій цих видів все ще залишається недослідженим. В цій роботі ми використали ISSR маркери, а також мінливі ділянки хлоропластного (*rpl32-trnL* (UAG)) та ядерного (ITS1-2 35S рДНК) геномів для дослідження українських популяцій *G. parviflora* і *G. quadriradiata* та порівняли їх із рослинами з території Польщі, Литви та Португалії. Результати ISSR аналізу дозволили розділити всі генотипи між двома видоспецифічними кластерами, "Parviflora" та "Quadriradiata" (рис. 1).

Такий поділ повністю підтверджується і даними порівняння сиквенованої ділянки хлоропластної ДНК. Обидва методи засвідчують помилкову видову ідентифікацію деяких зразків роду *Galinsoga* на основі морфологічних критеріїв.

Результати ISSR показують низьке генетичне різноманіття (індекс Шенона I=0,124) популяцій *G. quadriradiata*, вірогідною причиною чого може бути малий розмір вихідної популяції, завезеної з Америки до Старого Світу. Проте, рівень генетичного різноманіття у популяціях *G. parviflora* є суттєво вищим (I=0,254). Деякі генотипи *G. parviflora* мають широке географічне розповсюдження та, водночас, різні генотипи зустрічаються на спільній території. Отримані дані добре узгоджується із гіпотезою про втечу з ботанічних садів як основне джерело походження інвазійних видів роду *Galinsoga* [3]. Серед досліджених зразків виявлено декілька форм гібридної природи, які ймовірно походять від гібриду між *G. parviflora* та *G. quadriradiata* внаслідок наступних зворотних схрещувань з одним із батьківських видів.

Хоча зразки *G. parviflora* та *G. quadriradiata* чітко відрізняються як на основі ISSR аналізу, так і за хлоропласним маркером, різниця між цими видами за ISSR є значно більшою, порівняно із дистанцією за *rpl32-trnL* (UAG). Щоб зрозуміти причини цього, ми додатково сиквенували ПЛР-продукти ядерної ділянки ITS1-2 35S рДНК для двох зразків *G. parviflora* та двох зразків *G. quadriradiata* методом Illumina. Всі 481 отримані індивідуальні послідовності ITS1-2 групуються на NeighborNet філогенетичній сітці у чотири основні кластери. Найбільший кластер містить послідовності обох видів, тоді як три інші кластери виявились специфічними для *G. quadriradiata*, Два специфічні кластери

представлені рекомбінантними послідовностями між спільним для двох видів варіантом ITS1-2 та унікальним варіантом для *G. quadriradiata.* Показник подібності між нуклеотидними послідовностями спільного та унікального для *G. quadriradiata* варіантів є доволі низьким та коливається в межах 71-76 %.

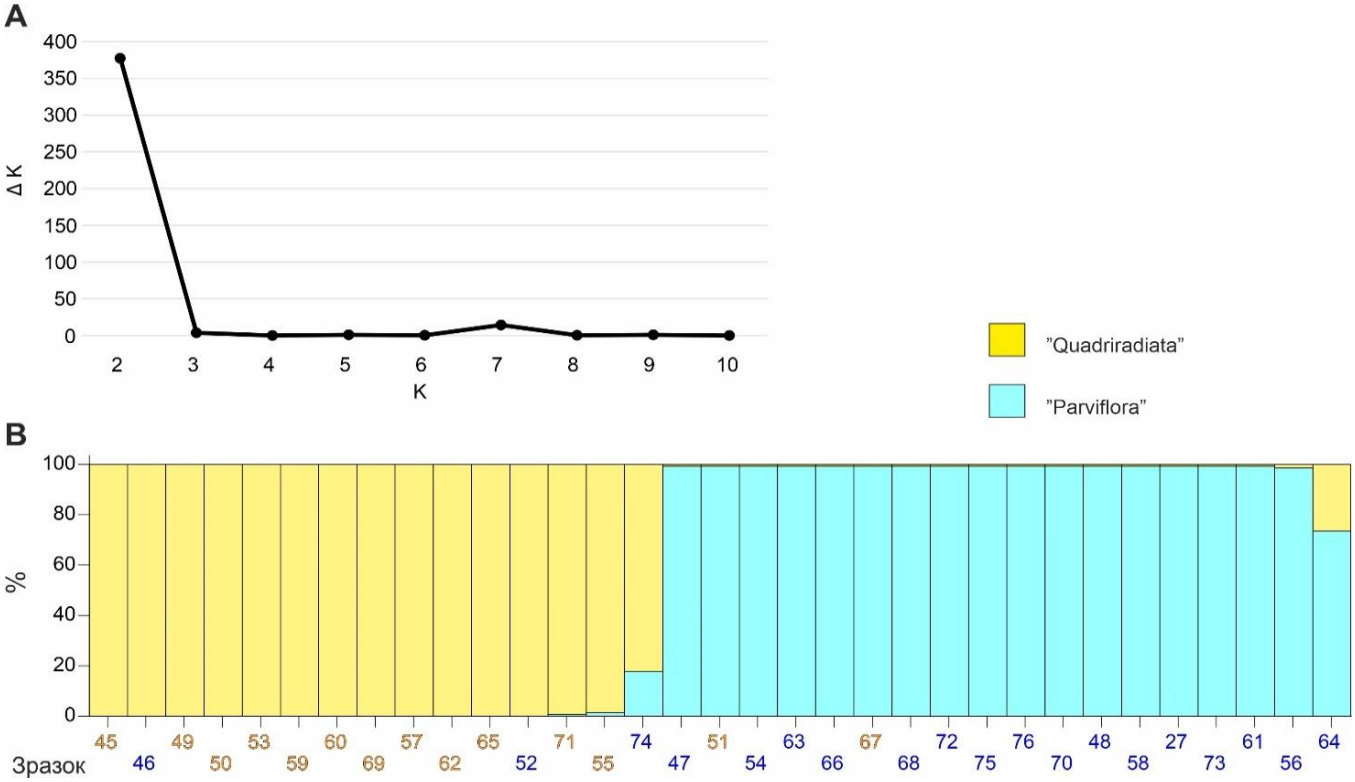


Рис. 1. Аналіз ISSR-поліморфізму за допомогою програми STRUCTURE. А - залежність параметру ΔK від кількості кластерів (K). В - генетична конституція зразків рослин роду Galinsoga, які представлені як вертикальні стовпчики

Жовтим та блакитним кольорами показаний вміст генетичного матеріалу G. quadriradiata та G. parviflora, відповідно. Назви зразків рослин, які за морфологічними ознаками були ідентифіковані як G. parviflora та G. quadriradiata, наведено синім та помаранчевим кольорами, відповідно

На основі отриманих результатів ми вважаємо, що значну дистанцію між двома дослідженими видами за даними ISSR аналізу можна пояснити гібридним походженням *G. quadriradiata.* Наявні дані дозволяють припустити, що донором хлоропластного геному, тобто материнською формою *G. quadriradiata* має бути вид, близький до *G. parviflora*. Водночас, батьківською формою мав бути невідомий вид цього ж, або філогенетично близького роду, від якого був успадкований специфічний для *G. quadriradiata* варіант ITS1-2.

Література:

1. Damalas C. A. Distribution, biology, and agricultural importance of *Galinsoga parviflora* (Asteraceae). *Weed Biol Manage*. 2008. Vol. 8, No 3. P. 147-153. doi:10.1111/j.1445-6664.2008.00290.x

2. Galinsoga Ruiz & Pav. in GBIF Secretariat. GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset https://doi.org/10.15468/39omei accessed via GBIF.org on 2024-08-14.

3. Galera H., Sudnik-Wójcikowska B. Central European botanic gardens as centres of dispersal of alien plants. *Acta Soc. Bot. Pol.* 2010. Vol. 79, No 2. P. 147-156.

ЗАКОНОДАВСТВО ЄС ЩОДО РОСЛИН, СТВОРЕНИХ ЗА ВИКОРИСТАННЯ НОВИХ ГЕНОМНИХ ТЕХНОЛОГІЙ (NEW GENOMIC TECHNOLOGIES, NGT)

Волкова Н.Е., д.б.н., **Захарова О.О**., к.б.н.
ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», м. Одеса, Україна

Термін «нові геномні методи» (New Genomic Technologies, NGT) означає нові процеси генної інженерії для цілеспрямованого мутагенезу, які використовуються для зміни геномів рослин ефективніше та швидше, ніж це можливо за допомогою підходів традиційної селекції [1]. До методів цілеспрямованого мутагенезу відносяться CRISPR-Cas9-технології (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats, Короткі паліндромні повтори, регулярно розташовані групами), TALEN-технології (Transcription activator-like effector nucleases, ефекторні нуклеази, подібні до активатора транскрипції), ZFN-технології (Zinc finger nuclease, Нуклеази цинкового пальця), редагування основ (Base editing), первинне редагування (Prime editing), PASTE-технології (Programmable Addition via Site-specific Targeting Elements, Програмоване додавання за допомогою елементів націлювання на сайт). Відповідно, NGT-рослинами вважаються рослини, створені за допомогою нових геномних технологій.

У липні 2018 року Європейський суд справедливості (Court of Justice of the European Union) класифікував NGT-рослини і продукцію, отриману з них, як ГМО [2]. Це означало, що до генноредагованих рослин висуваються ти ж вимоги, що і до ГМО, - необхідність маркування, заборона культивування і т.д. З того часу представники різних груп суспільства, в т.ч. науковці, селекціонери, виробники, проводили та проводять роботу з метою пом'якшити або навіть скасувати законодавство ЄС щодо ГМО, тобто було ініційовано дерегулювання нових ГМО. З підтримкою виступили 37 лауреатів Нобелівської премії та більш 1500 вчених, які закликали законодавців ЄС підтримати нові геномні технології та «відкинути темряву антинаукових страшилок».

5 липня 2023 року Європейська комісія запропонувала постанову, спрямовану на виключення певних NGT-рослин з європейського законодавства про ГМО (Директива 2001/18/ЕС). На підставі певних критеріїв вони розглядатимуться як еквівалентні рослинам, отриманим із застосуванням стандартних методів [4].

7 лютого 2024 року Європейський парламент ухвалив переговорну позицію: NGT-рослини, які вважаються еквівалентними звичайним рослинам (Категорія 1), будуть звільнені від вимог законодавства щодо ГМО, тоді як інші NGT-рослини (Категорія 2) мають відповідати правилам, що висуваються до ГМО, включаючи процедуру авторизації та обов’язкове маркування продуктів. Але щоб стимулювати їх використання, депутати Європарламенту погоджуються прискорити процедуру оцінки ризиків для NGT-2-рослин, які сприятимуть більш стійкій агропродовольчій системі, але підкреслюють необхідність дотримання

так званого принципу обережності (precautionary principle). Крім того всі NGT-рослини залишаються під забороною в органічному землеробстві.

Згідно з пропозицією критерії еквівалентності NGT-рослин звичайним рослинам такі. NGT-рослина вважається еквівалентною звичайним рослинам, якщо вона відрізняється від реципієнта/батьківської рослини не більше ніж 20 генетичними модифікаціями типів, зазначених у пунктах 1-5, у будь-якій послідовності ДНК, подібної послідовності з цільовою ділянкою, яку можна передбачити за допомогою біоінформатичних інструментів:

(1) заміна або вставка не більше 20 нуклеотидів;

(2) делеція будь-якої кількості нуклеотидів;

(3) за умови, що генетична модифікація не перериває ендогенний ген: (a) цілеспрямована вставка безперервної послідовності ДНК, яка існує в генофонді селекціонера; (b) цілеспрямована заміна ендогенної послідовності ДНК на безперервну послідовність ДНК, яка існує в генофонді селекціонера;

(4) цілеспрямована інверсія послідовності будь-якої кількості нуклеотидів;

(5) будь-яка інша цільова модифікація будь-якого розміру, за умови, що отримані послідовності ДНК вже зустрічаються (можливо, з модифікаціями, прийнятими відповідно до пунктів (1) та/або (2)) у виду з генофонду селекціонерів.

Отже, пропозиція створює два різні шляхи розміщення на ринку NGT-рослин. NGT-рослини, які також можуть виникати в природі або шляхом традиційної селекції (NGT-рослини категорії 1), підлягатимуть процедурі перевірки на основі критеріїв, встановлених у пропозиції. NGT-рослини, які відповідають цим критеріям, розглядатимуться як звичайні рослини та звільнятимуться від вимог законодавства про ГМО. Інформація про NGT-рослини категорії 1 надаватиметься через маркування насіння, у загальнодоступній базі даних і через відповідні каталоги сортів рослин.

Для всіх інших NGT-рослин (NGT-рослини категорії 2) застосовуються вимоги чинного законодавства щодо ГМО. Вони підлягатимуть оцінці ризиків і дозволу, перш ніж їх можна буде вивести на ринок. Їх буде відстежено та позначено як ГМО з можливістю добровільного маркування, щоб вказати мету генетичної модифікації. Оцінка ризику, метод виявлення та вимоги до моніторингу будуть адаптовані до різних профілів ризику, а регуляторні стимули будуть доступні для NGT-рослин, ознаки яких можуть сприяти досягненню цілей сталого розвитку.

Для забезпечення прозорості депутати Європарламенту прийняли рішення щодо створення загальнодоступного онлайн-списку NTG-рослин. На даний час існує так званий список Dr. Eva Gelinsky, в якому класифіковано 148 NGT-рослин. Список містить інформацію, зокрема, про ознаку, молекулярну характеристику, компанію-розробника, посилання на першоджерело.

Відкритим залишається питання щодо аналітичних методів для виявлення та ідентифікації NTG-рослин та стандартних референтних матеріалів. Для офіційного контролю та відстеження NGT-рослин або похідних продуктів, які законно розміщені на ринку ЄС, методи та стандартні матеріали повинні бути надані власником згоди. Інспекційні та контрольні органи здійснюють ринковий

контроль для правильного маркування дозволених продуктів і можливої присутності ГМО продуктів, не дозволених в ЄС. Слід зазначити, що NGT-рослини і продукти з них дерегульовані в кількох країнах, що не входять до ЄС, і можливо, що міжнародна торгівля такими NGT-продуктами призвести до практичних проблем у виявленні та їх моніторингу в ЄС.

Література:

1. Bohle F., Schneider R., Mundorf J., Zühl L., Simon S., Engelhard M. Where does the EU-path on new genomic techniques lead us? *Front. Genome Ed*. 2024. Vol. 6: 1377117. DOI: 10.3389/fgeed.2024.1377117

2. European Court of Justice, Confédération Paysanne (2018). Judgement of the Court (Grand chamber), 2018 in case C-528/16. C-528-18. http://curia.europa.eu/juris/document/document.jsf;jsessionid=9ea7d0f130dcd5adc6577ba74dc9b5acf2530b87e485.e34KaxiLc3eQc40LaxqMbN4Pb3yRe0?text=&docid=204387&pageIndex=0&doclang= EN&mode=req&dir=&occ=first&part=1&cid=72898.

3. European Commission. Commission Staff Working Document: impact Assessment Report. Accompanying the document Proposal for a Regulation of the European Parliament and of the Council on plants obtained by certain new genomic techniques and their food and feed, and amending Regulation (EU) 2017/625 (SWD(2023) 412 final). European Commission. https://eur-lex.europa.eu/ legal-content/EN/TXT/?uri=CELEX%3A52023PC0411

4. Proposal for a Regulation of the European Parliament and of the Council on plants obtained by certain new genomic techniques and their food and feed, and amending Regulation (EU) 2017/625. https://food.ec.europa.eu/ plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology

5. Guertler P., Pallarz S., Belter A., Eckermann K., Grohmann L. Detection of commercialized plant products derived from new genomic techniques (NGT) - Practical examples and current perspectives. *Food Control*. 2023. Vol. 152: 109869. DOI: 10.1016/j.foodcont.2023.109869

ІДЕНТИФІКАЦІЯ УКРАЇНСЬКОГО СОРТУ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ З РЕКОМБІНАНТНОЮ ТРАНСЛОКАЦІЄЮ 1BL.1RS

Козуб Н.О. [1,2], д.б.н., с.н.с., **Созінова О.І.** [1,2], **Созінов І.О.** [1], **Дем'янова Н.О.** [1,2], **Філенко О.Л.**[2], **Блюм Я.Б.** [2], д.б.н., професор
[1] Інститут захисту рослин НААН, м. Київ, Україна
[2] ДУ «Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України», м. Київ, Україна

Пшенично-житня транслокація 1BL.1RS від жита Petkus залишається найбільш розповсюдженою інтрогресією серед комерційних сортів пшениці м'якої у різних країнах світу; іншою достатньо поширеною пшенично-житньою транслокацією є 1AL.1RS від жита Insave як у сорту пшениці Amigo (http://www.rye-gene-map.de/rye-introgression). Обидві транслокації на 1RS несуть низку генів стійкості, серед яких найбільш важливими залишаються гени стійкості до стеблової іржі: *Sr31* на 1BL.1RS від жита Petkus та $Sr1RS^{Amigo}$ на 1AL.1RS від жита Insave. *Sr31* вже довгий час є ефективним проти більшості відомих рас стеблової іржі, крім групи рас Ug99. $Sr1RS^{Amigo}$, навпаки, є ефективним проти всіх відомих біотипів раси Ug99 [1], але вірулентність до $Sr1RS^{Amigo}$ мають деякі інші раси (зокрема TRTTF, TKKTP). Відомим ефектом присутності даних пшенично-житніх транслокацій є негативний вплив на хлібопекарну якість зерна, причому ефект присутності 1AL.1RS на погіршення якості вважається дещо слабшим [2]. Водночас, в умовах високої температури повітря і скорочення часу наливу зерна, наявність 1BL.1RS виявилась фактором, що навіть сприяє більшому об`єму хліба [3]. Серед груп українських сортів сорти з транслокацією 1BL.1RS найбільш поширені у групі сортів, створених у зоні Центрального Лісостепу України – Миронівського інституту пшениці імені В.М. Ремесла Національної академії аграрних наук України (НААН) (МІП), Інституту фізіології рослин і генетики Національної академії наук України (ІФРіГ), Білоцерківської дослідної станції Інституту біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН [4]. Сорти МІП та ІФРіГ також мають більший відсоток сортів з 1AL.1RS типу Amigo, порівняно з іншими групами українських сортів [4].

Зручним методом ідентифікації пшенично-житніх транслокацій з участю плеча 1RS є електрофорез спирторозчинних білків зерна у кислому середовищі за присутністю блоку омега-секалінів, що кодуються локусом *Gli-R1* (*Sec-1*) [5]. Також для аналізу присутності таких транслокацій застосовуються молекулярні маркери, переважно мікросателітні локуси, розміщені на житньому плечі, зокрема мікросателіт SCM9, що дає змогу розрізняти 1BL.1RS від жита Petkus та 1AL.1RS від жита Insave [6]. Електрофорез гліадинів дозволяє, крім визначення присутності плеча 1RS, визначити його положення (у складі 1BL.1RS або 1AL.1RS) за відсутністю продуктів відповідних гліадинових локусів, причому у межах одного аналізу. На 1RS нами було ідентифіковано ще один секаліновий локус, розміщений дистально від від *Sec-1,* який було позначено *Sec-N* ([7]. На даний час ідентифіковано чотири алелі цього локусу. У носіїв 1AL.1RS від жита Insave цей локус кодує високомолекулярний секалін, що розміщується на SDS-

електрофореграмі загального білка зерна під зоною високомолекулярних субодиниць глютенінів (алель *Sec-Na*), тоді як 1BL.1RS від жита Petkus за цим локусом має нуль-алель.

Нами проведено аналіз колекції українських сортів пшениці м`якої озимої електрофорезом спирторозчинних білків зерна у кислому середовищі [8] та SDS-електрофорезом загального білка за Laemmli [9]. Аналізували по 5-10 окремих зерен кожного зразка.

Серед сортів з пшенично-житніми транслокаціями, у сорту Гомін селекції ІФРіГ ідентифіковано присутність блоку секалінів як у носіїв 1AL.1RS від жита Insave та продукту алеля *Sec-Na,* що також характерний для 1RS як у сорту Amigo. Водночас у гліадиновому спектрі цього сорту присутні компоненти алеля *Gli-A1n* та відсутні гліадини, що кодуються локусом *Gli-B1*. Це свідчить про те, що сорт Гомін несе транслокацію 1BL.1RS, але з алелями секалінових локусів *Sec-1* та *Sec-N* від жита Insave. Аналіз за допомогою молекулярного маркера SCM9 до проксимальної ділянки житнього плеча 1RS виявив амплікон, характерний для носіїв транслокації 1BL.1RS від жита Petkus. У результаті ПЛР з праймерами до мікросателітного маркера *Xtsm92*, що знаходиться в дистальній ділянці плеча 1RS, одержано амплікони, характерні для носіїв 1AL.1RS від жита Insave.

Отже, сорт Гомін несе транслокацію 1BL.1RS, у складі якої житнє плече 1RS має рекомбінантне походження, а саме проксимальну ділянку від жита Petkus та решту плеча, промаркованого секаліновими локусами та дистальним молекулярним маркером – від жита Insave. Наявність секалінових алелів *Sec-1* та *Sec-N* як у сорту Amigo з високою вірогідністю вказує на присутність у сорту Гомін відповідних генів стійкості до збудників хвороб і шкідників: *Gb2, Pm17, Cm3, Sr1RS^{Amigo}*. Подібну рекомбінантну транслокацію нами було раніше ідентифіковано в угорського сорту MV Táltos, а також створено набір ліній з рекомбінантними транслокаціями 1BL.1RS [7].

Література:

1. Singh R. P., Hodson D. P., Jin Y. et al. Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: continued threat to food security and prospects of genetic control. *Phytopathology*. 2015. V. 105, No 7. P. 872–884. DOI: 10.1094/PHYTO-01-15-0030-F

2. Graybosch R. A., Peterson C. J., Hansen L. et al. Comparative flour quality and protein characteristics of 1BL/1RS and 1AL/1RS wheat-rye translocation lines. *J. Cereal Sci*. 1993. V. 17, No 2. P. 95-106.

3. Branlard G., Giraldo P., He Z. et al. Contribution of genetic resources to grain storage protein composition and wheat quality. G. Igrejas, T. Ikeda, and C. Guzmán, eds. *Wheat Quality For Improving Processing And Human Health*. Cham: Springer, 2020. P. 39–72.

4. Kozub N. A., Sozinov I. A., Karelov A. V., et al. Diversity of Ukrainian winter common wheat varieties with respect to storage protein loci and molecular markers for disease resistance genes. *Cytol. Genet.* V. 51, No 2. P. 117–129. DOI:10.3103/S0095452717020050

5. Созинов А. А. Попереля Ф. А. Электрофорез глиадина как метод идентификации пшениц, у которых 1B-хромосома полностью или частично замещена 1R-хромосомой ржи. *Докл. ВАСХНИЛ*. 1977. No 2. С. 2–4.

6. Weng Y., Azhaguvel P., Devkota R. N., Rudd J. C. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat–rye translocations in wheat background. *Plant Breeding*. 2007. V. 126. P. 482-486.

7. Kozub N., Sozinov I., Karelov A., et al. Studying recombination between the 1RS arms from the rye Petkus and Insave involved in the 1BL.1RS and 1AL.1RS translocations using storage protein loci as genetic markers. *Cytol. Genet*. 2018. V. 52, No 6. P. 440–447. DOI: 10.3103/S0095452718060063

8. Kozub N. A., Sozinov I. A., Sobko T. A., et al. Variation at storage protein loci in winter common wheat cultivars of the Central Forest-Steppe of Ukraine. *Cytol Genet.* 2009. V. 43, No. 1. P. 55–62. DOI: 10.3103/S0095452717020050

9. Laemmli U. K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. 1970. V. 227, No 5259. P. 680–685. DOI:10.1038/227680a0

Слава Україні!

ВИКОРИСТАННЯ МІКРОСАТЕЛІТНИХ МАРКЕРІВ ДЛЯ ІДЕНТИФІКАЦІЇ ПШЕНИЧНО-ЖИТНІХ ТРАНСЛОКАЦІЙ У РОСЛИН ПШЕНИЦІ

Король В.Р.[1], Козуб Н.О.[2, 3], д.б.н, с.н.с.
[1] ННЦ «Інститут біології та медицини», Київський національний університет імені Тараса Шевченка, м. Київ, Україна
[2] Інститут захисту рослин НАН України, м. Київ, Україна
[3] ДУ "Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України", м. Київ, Україна

Транслокації 1BL.1RS і 1AL.1RS є серед найпоширеніших інтрогресій у комерційних сортах м'якої пшениці. Коротке плече 1RS із жита (*Secale cereale* L.) містить гени, що забезпечують стійкість до збудників хвороб, таких як іржа та борошниста роса: *Sr31, Pm8, Lr26, Yr9* — для 1BL.1RS; *Sr1RSAmigo, Pm17*, а також гени стійкості до шкідників *Gb2, Cm3* — для 1AL.1RS). Історично ці транслокації походять від сортів жита Petkus (1BL.1RS, типу Кавказ) та Insave (1AL.1RS, типу Amigo) і стали базою для створення високопродуктивних сортів. Вони також сприяють розвитку кореневої системи та адаптації пшениці у стресових умовах. Одним з підходів до розширення різноманітності пшенично-житніх траснлокацій є створення транслокацій з рекомбінантним плечем 1RS. Метою даної роботи було дослідження за допомогою мікросателітних маркерів ліній з такими транслокаціями, попередньо проаналізованих з використанням секалінових локусів.

Об'єктом дослідження слугували 37 ліній, відібраних з популяції рекомбінантно-інбредних ліній (РІЛ) F_6, отриманих від схрещування батьківських форм Б16 (з 1BL.1RS, типу Кавказ) та 7086 AR (з 1AL.1RS, типу Amigo) [1]. Лінії було проаналізовано за локусами *Sec-1* та *Sec-N* за допомогою електрофорезу запасних білків, що дозволило точно визначити положення транслокацій і виявити рекомбінації між плечами 1RS [1]. Для молекулярного аналізу використовували мікросателітний праймер *Xtsm92*, розташований у дистальній частині плеча 1RS [2].

Дослідження показало, що РІЛ, проаналізовані за *Xtsm92*, поділяються за типом транслокацій на дві групи: 18 ліній мають амплікони як у батьківської форми Б16 (присутність транслокації 1BL.1RS), а 19 ліній — амплікони як у 7086 AR (транслокації 1AL.1RS). При цьому було виявлено лінії з рекомбінантними поєднаннями алеля локусу *Xtsm92* та секалінового локусів.

Отже маркер *Xtsm92* може бути використаний для ідентифікації присутності типу транслокацій у сортів пшениці та для ідентифікації рекомбінантних транслокацій у поєднанні з секаліновими локусами. Крім того використання цього та інших молекулярних маркерів дозволить більш точно картувати і дослідити локус *Sec-N*.

Література:

1. Козуб Н. О., Созінов І. О., Карелов А. В., Бідник Г. Я., Дем'янова Н. О., Созінова О. І., ... Созінов О. О. Дослідження рекомбінації між плечами 1RS від жита Petkus та Insave у складі пшенично-житніх транслокацій 1BL. 1RS і 1AL. 1RS з використанням запасних білків як генетичних маркерів. *Cytology and Genetics*. 2018. *52*(6), 440-447. DOI:10.3103/S0095452718060063

2. Kofler R., Bartoš J., Gong L., Stift G., Suchánková P., Šimková H., ... Lelley T. Development of microsatellite markers specific for the short arm of rye (Secale cereale L.) chromosome 1. *Theoretical and Applied Genetics*. 2008. *117*, 915-926. DOI:10.1007/s00122-008-0831-2

ТРАНСГРЕСИВНА МІНЛИВІСТЬ КІЛЬКОСТІ ЗЕРЕН ГОЛОВНОГО КОЛОСА У ПОПУЛЯЦІЙ F_2 І F_3 ЗА ГІБРИДИЗАЦІЙ РІЗНИХ ЕКОТИПІВ

Лозінський М. В., кандидат с.-г. наук, доцент, **Зінченко С. В.,** здобувач ступеня доктора філософії, **Самойлик М. О.,** доктор філософії, **Устинова Г. Л.,** доктор філософії, **Філіцька О. О.,** доктор філософії
Білоцерківський національний аграрний університет, м. Біла Церква, Україна

Пшениця – найцінніша продовольча культура світового землеробства. Висока екологічна пластичність і здатність формувати врожаї в різних географічних зонах та кліматичних умовах, а головне – цінність зерна, сприяли поширенню її, як основного продукту харчування для населення [1–3].

Для вдалої селекційної роботи на підвищення урожайності зерна пшениці необхідно досконало знати закономірності успадкування складових продуктивності та встановити вплив батьківських компонентів на їх формування, активно залучаючи до гібридизації генофонд світової колекції, адже розширення генетичного різноманіття вихідного матеріалу є актуальним питанням для селекціонера [4, 5].

Одним із найголовніших показників продуктивності пшениці є кількість зерен у колосі. З метою створення сортів з більшою озерненістю колоса варто досліджувати прояв і успадкування цієї ознаки для застосування в селекційній роботі з пшеницею в умовах Лісостепу України [6, 7].

У 2022, 2023 рр. в умовах дослідного поля навчально-виробничого центру Білоцерківського НАУ досліджували популяції пшениці м’якої озимої, отримані схрещуванням західноєвропейського екотипу з лісостеповим: Варвік / Царівна, Варвік / Либідь, Богемія / Либідь, Вебстер / Царівна; лісостепового з лісостеповим: Колос Миронівщини / Царівна, Мирлена / Царівна, Мирлена / Либідь; степового з лісостеповим: Дріада 1 / Перлина лісостепу, Служниця одеська / Царівна, Служниця одеська / Либідь. Посів дослідного матеріалу проводили в кінці третьої декади вересня. Агротехнічні прийоми − загальноприйняті для зони Лісостепу. Попередник – гірчиця на зерно. Біометричний аналіз досліджуваного матеріалу проводили за середнім зразком 25 рослин у трикратній повторності [8]. Статистичну обробку отриманих біометричних даних здійснювали з використанням програм Excel 2019 та «Statistica», версія 12.0 [9]. Ступінь та частоту трансгресій за кількістю зерен із головного колоса визначали за загальноприйнятою методикою [10].

У 2022 р. середня кількість зерен головного колоса досліджуваних популяції другого покоління пшениці м’якої озимої становила від 40,9 шт. (Варвік / Либідь) до 64,9 шт. (Служниця одеська / Царівна), за показника у батьківських форм – 43,4–54,3 шт. Перевищення середнього значення вихідних компонентів гібридизації встановлено у Варвік / Царівна – 59,4 шт., Вебстер / Царівна – 55,0 шт., Колос Миронівщини / Царівна – 53,8 шт., Дріада 1 / Перлина лісостепу – 61,0 шт., Служниця одеська / Царівна – 64,9 шт., Служниця одеська / Либідь – 53,3 шт. (табл. 1).

Таблиця 1

Позитивна трансгресивна мінливість кількості зерен головного колоса в популяцій F_2 (2022 р.)

Популяція	Кількість зерен, шт.					Трансгресії, %	
	середнє			максимальний прояв			
	♀	♂	F_2	P	F_2	Тс	Тч
Варвік / Царівна	54,3	52,6	59,4	59,0	82,0	39,0	13,8
Варвік / Либідь	54,3	53,2	40,9	62,0	65,0	4,8	2,4
Богемія / Либідь	44,7	53,2	51,4	62,0	71,0	14,5	8,0
Вебстер / Царівна	43,4	52,6	55,0	58,0	62,0	6,9	3,2
Колос Миронівщини / Царівна	47,5	52,6	53,8	58,0	72,0	24,1	10,0
Мирлена / Царівна	46,2	52,6	49,4	58,0	62,0	6,9	2,4
Дріада 1 / Перлина лісостепу	46,3	50,4	61,0	58,0	67,0	15,5	5,6
Служниця одеська / Царівна	46,2	52,6	64,9	58,0	85,0	46,6	17,4
Служниця одеська / Либідь	46,2	53,2	53,3	62,0	67,0	8,1	6,0

У 9 з 10 досліджуваних популяцій F_2 визначили позитивні трансгресії за кількістю зерен із головного колоса. З високим показником ступеня позитивної трансгресії (46,6 %) виділили популяцію Служниця одеська / Царівна у якого частота рекомбінантів склала 17,4 %. Дещо менші показники ступеня (24,1–39,0 %) і частоти трансгресивних форм (10,0–13,8 %) визначили у популяцій Колос Миронівщини / Царівна і Варвік / Царівна.

В умовах 2023 р. кількість зерен головного колоса гібридних популяцій F_3 сформувалась від 46,2 шт. (Варвік / Царівна) до 57,8 шт. (Служниця одеська / Либідь), за показників батьківських компонентів гібридизації від 43,8 шт. (Богемія) до 54,3 шт. – Царівна. Перевищення над вихідними батьківськими формами встановили у Дріада 1 / Перлина лісостепу (*lutescens*) – 49,9 шт., Служниця одеська / Царівна – 56,7 шт., Служниця одеська / Либідь – 57,8 шт. (табл. 2).

Таблиця 2

Позитивна трансгресивна мінливість кількості зерен головного колоса у популяцій F_3 (2023 р.)

Популяція F_3	Кількість зерен, шт.					Трансгресії, %	
	середнє			максимальний прояв			
	♀	♂	F_2	P	F_2	Тс	Тч
Варвік / Царівна	53,1	54,3	46,2	60,0	64,0	6,7	2,8
Богемія / Либідь (*lutescens)*	43,8	52,6	49,8	57,0	65,0	14,0	5,2
Богемія / Либідь (*erythrospermum*)	43,8	52,6	49,0	57,0	63,0	10,5	4,8
Дріада 1 / Перлина лісостепу (*lutescens)*	45,2	49,6	49,9	51,0	66,0	8,2	13,8
Дріада 1 / Перлина лісостепу (*erythrospermum*)	45,2	49,6	49,5	61,0	72,0	18,0	14,2
Служниця одеська / Царівна	45,0	54,3	56,7	58,0	64,0	8,5	4,4
Служниця одеська / Либідь	45,0	52,6	57,8	57,0	71,0	22,4	15,8

Позитивні трансгресії за кількістю зерен із головного колоса встановлено у 7 з 10 досліджуваних популяцій F_3. за ступеня трансгресії 6,7–22,4 % і частоти позитивних рекомбінантів 2,8–15,8 %.

В результаті досліджень виділені популяції в яких досліджені позитивні трансгресії за озерненістю головного колоса як у другому, так і третьому поколіннях, а саме: Богемія / Либідь, Дріада 1 / Перлина лісостепу, Служниця одеська / Царівна, Служниця одеська / Либідь.

Література:

1. Lozinskyi M., Ustynova H., Grabovska T. et. al. Manifestation of heterosis and degree of phenotypic dominance by the number of grains from the main ear in the hybridisation of different early-maturing varieties of soft winter wheat. Scientific Horizons. 2021. Vol. 24. № 11. P. 28–37. DOI: 10.48077/ scihor.24(11).2021.28-37.

2. Литвиненко М. А. Реалізація потенціалу пшеничного поля. *Насінництво*. 2011. № 6. С. 1–7.

3. Shewry P. R., Mitchell R. A. C., Tosi P. An integrated study of grain development of wheat (cv. Hereward). *Journal of Cereal Science*. 2012. № 56. P. 21–30. DOI: 10.1016/j.jcs.2011.11.007.

4. Лозінський М. В., Устинова Г. Л. Вплив генотипу та умов року на успадкування продуктивної кущистості за гібридизації різних за скоростиглістю сортів пшениці м'якої озимої. *Агробіологія*. 2022. № 1. С. 95–106.

5. Бурденюк-Тарасевич Л. А., Лозінський М. В., Дубова О. А. Особливості формування довжини стебла у селекційних номерів пшениці озимої залежно від їх генотипів та умов вирощування. *Агробіологія*. 2015. № 1. С. 11–15.

6. Орлюк А.П., Гончарова К.В. Адаптивний і продуктивний потенціал пшениці: монографія. Херсон: Айлант, 2002. 276 с

7. Лозінський М.В., Самойлик М.О. Особливості успадкування кількості зерен головного колоса пшениці м'якої озимої за гібридизації лісостепового, степового і західноєвропейського екотипів. *Агробіологія*. 2023. № 2. С. 78–87. doi: 10.33245/2310-9270-2023-183-2-78-87

24. Ткачик С. О., Лещук Н. В., Присяжнюк О. І. Методика проведення кваліфікаційної експертизи сортів рослин на придатність до поширення в Україні. Загальна частина. Український інститут експертизи сортів рослин. 4-те вид. Вінниця, 2016. – 120 с.

25. Опря А. Т., Дорогань-Писаренко Л. О., Єгорова О. В., Кононенко Ж. А. Статистика: навчальний посібник. К.: Центр учбової літератури, 2014. 536 с.

26. Васильківський С. П., Кочмарський В. С. Селекція і насінництво польових культур. Миронівка: ПрАТ «Миронівська друкарня», 2016. 376 с.

СЕЛЕКЦІЙНО-ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ СОРТІВ ПШЕНИЦІ ТВЕРДОЇ ОЗИМОЇ ЗА ПАРАМЕТРАМИ ПЛОЩІ ЛИСТКІВ

Любич В.В., доктор сільськогосподарських наук
Уманський національний університет садівництва, м. Умань, Україна

Пшениця тверда – основна сировина для виробництва борошна макаронного найвищої якості [1]. Важливе значення також має формування продуктивності цієї культури, рівень якої залежить від формування площі листкової поверхні [2].

Урожайність сільськогосподарських культур формується за рахунок фотосинтетичної діяльності рослин. Листковий апарат і його асиміляційна поверхня має найбільший вплив на формування колоса [3, 4]. Від розміру та поглинальної здатності кожної клітини зеленого листка поглинати сонячну енергію залежать складні процеси росту та розвитку рослини у цілому [5, 6].

Дослідження щодо оцінювання сортів пшениці твердої озимої виконували у польових і лабораторних умовах Уманського національного університету садівництва впродовж 2017–2018 рр. У досліді використовували сорти пшениці твердої озимої (*Triticum durum* Desf.) Крейсер, Аргонавт, Континент, Макар, Гардемарин, Лагуна, Лінкор, Босфор. Контролем був сорт Афіна (st). Оригінатор – Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення. Площа дослідної ділянки була 10 м^2, повторність п’ятиразова.

Площу листкової поверхні визначали за допомогою довжини, ширини і перевідного коефіцієнта (0,67). Густоту визначали на початку фази кущіння, виходу рослин у трубку та колосіння. Групування коефіцієнта варіювання здійснювали за такими градаціями: 0–10 % – незначне, 10–20 – невелике, 20–40 – середнє, 40–60 – велике, ≥ 60 % – дуже велике. Статистичне оброблення даних здійснювали методом однофакторного дисперсійного аналізу польового досліду.

Дослідна ділянка розміщувалась у Маньківському природно-сільськогосподарському районі Середньо-Дніпровсько-Бузького округу Лісостепової Правобережної провінції зони Лісостепу з географічними координатами за Гринвічем 48° 46'56,47" північної широти і 30° 14'48,51" східної довготи. Висота над рівнем моря – 245 м. Ґрунт дослідного поля – чорнозем опідзолений важкосуглинковий.

Погодні умови значно відрізнялись від середньобагаторічних показників. Так, у 2017 р. погодні умови характеризувались меншою кількістю опадів. За період квітень–липень випало 209 мм опадів або на 15 % менше середньобагаторічного показника (277 мм). Достатньою була кількість опадів у 2018 р. За період квітень–липень випало 292 мм опадів, проте розподіл їх був нерівномірним. У 2017 р. у фазу виходу рослин у трубку випало лише 13,3 мм, а в 2018 – 140,8 мм опадів. Середньодобова температура повітря також впливала на ріст і розвиток рослин сортів пшениці твердої озимої. Так, у період інтенсивного росту стебла (вихід рослин у трубку – колосіння) в 2017 р. вона була несприятливою порівняно з оптимальною (9–16 ºС) і становила 18–21 ºС. Середньодобова температура повітря в цей період у 2018 р. була оптимальною.

Результати досліджень свідчать, що площа листків одного стебла достовірно змінювалась залежно від сорту пшениці твердої озимої. Найнижчим цей показник був у фазу кущіння, а найвищим – у фазах колосіння і молочної стиглості зерна.

Площа листків одного стебла значно змінювалась залежно від погодних умов року дослідження. Так, у сприятливішому 2018 р. цей показник був у 1,3–2,4 рази вищим порівняно з 2017 р. Необхідно відзначити, що у фазу кущіння рослин площа листків була майже однаковою.

Площа листків з одного гектара також істотно змінювалась залежно від сорту пшениці твердої озимої і погодних умов. Так, у 2017 р. у фазу колосіння цей показник змінювався від 15,70 до 23,71 тис. $м^2$/га, а в 2018 р. – від 37,78 до70,99 тис. $м^2$/га залежно від сорту.

Необхідно відзначити, що максимальну площу листкової поверхні рослини пшениці твердої у 2017 р. формували у період колосіння – молочної стиглості зерна. У 2018 р. цей показник був максимальним у фазу колосіння, який до молочної стиглості зерна знижувався.

Тенденція формування листкового індексу була подібною до площі листкової поверхні. При цьому рівень цього показника достовірно змінювався від сорту пшениці твердої. Так, сорти Афіна, Лінкор і Макар формували найвищий листковий індекс у фазу колосіння 2017 р. У сортів Континент, Лагуна, Крейсер, Босфор, Гардемарин та Аргонавт максимальним цей показник був у фазу молочної стиглості зерна.

У сприятливішому за погодними умовами 2018 р. максимальним листковий індекс рослини усіх сортів пшениці твердої озимої формували у фазу колосіння – 3,78–7,10.

Найвищий листковий індекс у 2018 р. отримано за вирощування сортів Континент, Лагуна, Крейсер, Босфор, Гардемарин та Аргонавт. При цьому найвищий листковий індекс у різних погодних умовах отримано за вирощування лише двох сортів – Лінкор і Макар.

Необхідно відзначити, що за сприятливіших погодних умов листковий індекс починає зростати від виходу рослин у трубку, який знижується до кінця молочної стиглості зерна. У менш сприятливому 2017 р. цей показник зростав від фази колосіння. Рівень листкового індексу при цьому був на рівні верхівкового листка 2018 р.

Фотосинтетичний потенціал посіву (ФПП) як упродовж вегетаційного періоду, так і сумарний показник істотно залежав від сорту пшениці твердої озимої і умов року проведення досліджень. У 2017 р. ФПП був найнижчим за вирощування всіх сортів. При цьому його величина була високою з фази кущіння. Сумарний ФПП найвищий формували сорти пшениці твердої озимої Афіна, Лінкор і Макар – 1238–1467 тис. $м^2$/га·діб.

У 2018 р. максимальний ФПП отримано в фазу виходу рослин у трубку – 1340–1440 тис. $м^2$/га·діб, крім сорту Афіна, в якого цей показник був на рівні 818 тис. $м^2$/га·діб. У фазу колосіння ФПП був у 1,2–1,3 рази нижчим порівняно з виходом рослин у трубку. У фазу молочної стиглості зерна цей показник був нижчим порівняно з кущінням рослин.

Найвищий сумарний ФПП в 2018 р. отримано за вирощування сортів Континент, Лагуна, Крейсер, Босфор, Гардемарин та Аргонавт. При цьому найвищий сумарний ФПП у різних погодних умовах отримано за вирощування лише двох сортів – Лінкор і Макар.

Встановлено, що параметри фотосинтетичної діяльності посівів пшениці твердої озимої достовірно змінюються залежно від сорту і погодних умов. Визначено, що найвищі показники фотосинтетичної діяльності посівів пшениці твердої озимої отримано за вирощування сортів Континент, Лагуна, Крейсер, Босфор, Гардемарин та Аргонавт за сприятливіших погодних умов. При цьому найвищий сумарний ФПП у різних погодних умовах отримано за вирощування лише двох сортів – Лінкор і Макар.

Література:

1. Пшениця спельта. Г. М. Господаренко, П. В. Костогриз, В. В. Любич та ін.; за заг. ред. Г. М. Господаренка. Київ: ТОВ «СІК ГРУП УКРАЇНА», 2016. 312 с.

2. Любич В. В., Полянецька І. О. Оцінювання сортів пшениці твердої озимої за показниками росту та розвитку. *Агробіологія*. 2021. №1. С. 65–72.

3. Yakushev V., Kanash E., Rusakov D., Blokhina S. Specific and non-specific changes in optical characteristics of spring wheat leaves under nitrogen and water deficiency. *Adv. Anim. Biosci*. 2017. Vol. 8. P. 28–34.

4. Любич В. В., Полянецька І. О. Фотосинтетичні параметри посівів пшениці твердої озимої залежно від сорту. *Збірник наукових праць Уманського національного університету садівництва*. Умань. 2021. С. 288–299.

5. Zhao Fu-Nian, Zhou Shuang-Xi, Wang Run-Yuan, Zhang Kai, Wang He-Ling, Yu Qiang. Dihydropyridine-coumarin-based fluorescent probe for imaging nitric oxide in living cells. J. *Integr. Agr*. 2020. Vol. 19. P. 92–100.

6. Любич В. В. Біологічна цінність білка пшениці спельти залежно від походження сорту та лінії. *Зб. наук. пр. Уманського НУС.* 2016. Вип. 89. С. 199–206.

THE FREQUENCY OF THE CHROMOSOMAL ABERRATION UNDER GAMMA IRRADIATION OF DYPLOID AND TETRAPLOID FORMS OF THE TUBERS OF THE *S. TUBEROSUM* SPECIES

Machulskyi H.M.
Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor,
Head of the Department of Forestry and Agrotechnologies
National University "Chernigiv collegium" named after T. G. Shevchenko,
Chernigiv, Ukraine

The frequency of chromosomal aberrations was studied with gamma irradiation of dihaploid (2n) and tetraploid (4n) tubers of *S. tuberosum*. One of the primary effects of radiation damage to the meristem is the frequency of induced chromosomal aberrations. This indicator typically correlates directly with the frequency of recessive recombinations and inversely with plant survival rates [1].

One of the most important criterion of the evaluation of the radiosensibility of the target material in the effectiveness of the mutagenic agent is the frequency of induced chromosomal aberration.

In our experiment, to determine the causes of the different reaction of dihaploid (2n) and tetraploid (4n) forms of potatoes to the effect of gamma radiation, chromosome rearrangements in anaphrose and telophases of the first mitotic division in the meristematic tissues of the primary roots after irradiation of tubers in doses of 10 and 25 Gr were investigated .

A comparative study of radiosensibility was carried out on 9 grades and hybrids of tetraploid potato (4n), primary dihaploid (2n) PDS 83-44 (*S. tuberosum* Ukrainian NIIKH) and secondary dihaploids with a wide genetic basis T-707 (dihaploid *S. tuberosum* x *S. chacoense* USA).

For cytological analysis, the primary roots were fixed in acetic alcohol (3 parts of alcohol: 1 part acetic acid) and stored in 80 ° alcohol. To view under microscope prepare acetocarmic pressure drugs. The percentage of chromosomal aberrations (bridges, fragments, bridges + fragments) was taken into account in the antenna and telophases of the first mitotic division. Investigated 20-30 roots in each variant. In one version, 10 - 30 ana- and telophases were viewed.

The results of the cytologic analysis showed that 4n had more damaged cells than 2n. So, at the dose of irradiation of 10 Gr the frequency of the appearance of the bridges and fragments in anaphase and telophase of the mitosis was 7,2 – 8,7 % in 4n and 4,1 – 4,5 % in 2n. The same consistent pattern is noticed at the dose of the irradiation of 25Gr. Taking into consideration the fact that tetraploid cells have more chromosomes, there is almost the same number of aberrations per one chromosome in all studied variants. There is even a trend to reducing aberration per one chromosome in tetraploid forms. So, at the dose of irradiation of 25 Gr in 2n it was 0,36 – 0,38%, and in 4n – 0,33 – 0,35%.

In the control variant all the aberrations are represented with the bridges, and under gamma irradiation, apart from bridges, there are fragments or, seldom, combined aberrations(bridges + fragments). There are fewer anaphases with fragments than with bridges. This can be explained by the fact that chromosomes in

the potato are very small and fragments appearing under the influence of gamma irradiation are even smaller, therefore a part of them is badly visible under the microscope and remain unaccounted.

Consequently, the results of the primary growing processes in tubers and data of the cytologic analysis prove that radioresistance accompanies the increase of the ploidy. It might be brobably explained by the quicker recovery of the cell nucleus in tetraploid forms due to the larger number of chromosomes. The number of aberrations per one chromosome in all studied variants is nearly the same.

It is noteworthy that the frequency of chromosomal aberrations caused by mutagenic factors in potatoes is significantly lower than in other crops. For example, in soft wheat, it reaches 94%, in peas 87%, and in rye 78% [2].

Literature:

1. Savov P. Experimental mutagenesis plant. Prok. Int. Simp. (Varna, 1976). Sofia, 1978. P. 159–165.

2. Harten A. M. Mutation breeding: a Stepping-stene between Gregor Mendel and genetic manipulation (a treatise for vegetativeles propagated crops) / A. M. Harten, V. C. Broerties. Gen. Manipulat. Plant Breed. Proc. 1st. Symp., Berlin (West), Sept. 8-13, 1985. Berlin, New York, 1986. P. 8–15.

ЗБАГАЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОГО РІЗНОМАНІТТЯ *CYPERUS ESCULENTUS* L.: СЕЛЕКЦІЙНИЙ АСПЕКТ

Позняк О.В.[1], м. н. с., **Чабан Л.В.**[1], н. с., **Кондратенко С.І.**[2], д. с.-г. н.
[1]Дослідна станція «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН, с. Крути, Чернігівська обл., Україна
[2]Інститут овочівництва і баштанництва НААН, сел. Селекційне, Харківська обл., Україна

Смикавець їстівний, або чуфа (*Cyperus esculentus* L.) – єдиний культурний вид роду *Cyperus* – харчова, олійна, крохмаленосна рослина із родини Осокових (Cyperaceae). Має високі цілющі і дієтичні властивості. Бульби за смаком нагадують лісовий горіх, вживаються сирими і у переробленому вигляді. Вони мають тверду оболонку, хрусткий м'якуш, солодкі, мають приємний мигдальний присмак. Харчова цінність висока: містять 20-25% жирної олії (ліпідів), 20-35% крохмалю, 12-28% цукрів і 5-9% білка. Споживають бульби як ласощі сирими, вареними, смаженими; їх перемелюють на борошно, з підсмажених виготовляють сурогати кави і какао. В кондитерській промисловості із бульб смикавцю їстівного готують спеціальні сорти печива і тортів, цукерок, халви та інших солодощів. З них виготовляють харчову олію, яка густіє за кімнатної температури, вона не поступається оливковій. Олію вживають безпосередньо в їжу, використовують в консервній промисловості, медицині, парфумерії, техніці (як мастило для інструментів точної механіки) [1].

У процесі селекції та наукових експериментів створюється або виявляється велика кількість форм рослин, які не включаються до Державного Реєстру як сорти, що використовуються у виробництві, але є цінними як вихідний матеріал для селекції, наукових досліджень тощо. Ці форми рослин є об'єктами інтелектуальної власності, права на яку повинні бути захищені, а також національне надбання держави, яка повинна здійснити цей захист. Зразки, створені в науково-дослідних установах, з метою їх активного використання в селекційних та наукових програмах і надійного збереження в банку генетичних ресурсів рослин, реєструються в Національному центрі генетичних ресурсів рослин України [2].

До об'єктів інтелектуальної власності, створених на Дослідній станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН, належать сорт і дві лінії смикавця їстівного (чуфи): Запас [3], Кочівник та Бурштин України. Селекційна робота зі смикавцем їстівним (чуфою) проводиться за сучасними методиками [4] з урахуванням біологічних особливостей цього виду.

Сорт Запас після проведення науково-технічної експертизи в Національному центрі генетичних ресурсів рослин внесений до Національного генбанку за № UE 1400008 (Свідоцтво про реєстрацію зразка генофонду рослин в Україні № 1348).

Метод створення - клоновий добір із екоформи, походженням із півдня України. Урожайність бульб 32,9 т/га, маса бульб з однієї рослини 350 г, середня

кількість бульб з рослини більше 260 штук, маса 1000 бульб 1560 г). Довжина бульби 2,1 см, ширина 1,8 см. Вегетаційний період 155 діб.

Висота рослини 45 см. Кількість листкових пучків (парцел) на рослину велика – більше 150. У пучку середня кількість листків – 4-8. Листки зеленого забарвлення помірної інтенсивності. За формою листкова пластинка лінійна. Довжина листкової пластинки 40-45 см, ширина 5-6 мм. Зубчастість і опушеність листка відсутні. За габітусом рослина напівпохила. Бульби видовжено-яйцеподібної форми, коричневого забарвлення. Горбкуватість на поверхні бульб наявна. В умовах Чернігівської області рослини сорту Запас не цвітуть, розмножується виключно вегетативним способом.

У 2023 р. в установі створені дві лінії смикавця їстівного (чуфи) - Кочівник та Бурштин України, які після науково-технічної експертизи зареєстровані в НЦГРРУ відповідно за № UE 1400009 (Свідоцтво № 2558) та № UE 1400010 (Свідоцтво № 1357) .

Лінія Кочівник створена методом клонового добору із гетерогенної популяції, походженням із Замбії, лінія Бурштин України – методом клонового добору із сорту Запас за ознакою «слабка інтенсивність коричневого забарвлення бульби».

Лінія Кочівник характеризується високою урожайністю бульб – 20,9 т/га, середня кількість бульб з однієї рослини 195 штук, середня маса бульб з однієї рослини 360,7 г; маса 100 товарних бульб 185,0 г.

Морфолого ідентифікаційні ознаки. Рослина за висотою середня (55 см), кількість листкових пучків (парцел) на рослину мала – 30 штук, габітус рослини напівпрямий. Кількість листків у пучку велика – 10-12 штук. Листки зеленого забарвлення помірної інтенсивності. За формою листкова пластинка лінійна. Довжина листкової пластинки 56 см, ширина 7-9 мм. Зубчатість і опушеність листка відсутні. Бульби округлої форми, довжиною 1,7 см і шириною 1,6 см (індекс форми 1,06), інтенсивність коричневого забарвлення бульб слабка. Горбкуватість на поверхні бульб наявна. Лінія вирізняється округлою формою бульб, слабкою інтенсивність коричневого забарвлення бульб та здатністю цвісти в умовах північного Лісостепу Україні (в окремі роки ступінь цвітіння сягає 100% рослин).

Лінія Бурштин України характеризується високою урожайністю бульб – 21,8 т/га, середня кількість бульб з однієї рослини 252 штук, середня маса бульб з однієї рослини 383,0 г; маса 100 товарних бульб 152,4 г.

Морфолого ідентифікаційні ознаки. Рослина висотою 46 см, кількість листкових пучків (парцел) на рослину середня – 120 штук, габітус рослини півпрямий. Кількість листків у пучку 6-8 штук. Листки зеленого забарвлення помірної інтенсивності. За формою листкова пластинка лінійна. Бульби видовжено-яйцеподібної форми, довжиною 2,2 см і шириною 1,3 см (індекс форми 1,69), інтенсивність коричневого забарвлення бульб слабка. Горбкуватість на поверхні бульб наявна.

Лінія вирізняється видовжено-яйцеподібною формою бульб у поєднанні зі слабкою інтенсивність їх коричневого забарвлення. Вегетаційний період обох ліній близько 150 діб.

Отже, на Дослідній станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН з метою збагачення вітчизняного генетичного різноманіття смикавця їстівного (чуфи) створені сорт Запас та лінії Кочівник і Бурштин України, які зареєстровані в НЦГРРУ. Селекційна робота з видом *Cyperus esculentus* L. в установі продовжується.

Література:

1. Позняк О. Смикавець їстівний, або чуфа. *АгроСвіт*. Полтава: Ляшенко В.Г., 2014. №11 (21). С. 8-9.

2. Бондаренко В.М., Рябчун В.К., Богуславський Р.Л. та ін. Реєстрація колекцій і цінних зразків генофонду рослин України – один із напрямків їх надійного збереження і ефективного використання. *Інноваційні напрямки наукової діяльності молодих вчених в галузі рослинництва*: Збірник тез ІІІ-ої Міжнародної наукової конференції молодих вчених, присвяченої 40 річниці утворення Ради молодих вчених в ІР ім. В.Я. Юр'єва (20-22 червня 2006 р.). Харків, 2006. С. 11-12.

3. Позняк О.В., Чабан Л.В. Вітчизняний сорт смикавця їстівного (чуфи) 'Запас'. *Селекція, генетика та технології вирощування сільськогосподарських культур*: матеріали VI Міжнародної науково-практичної конференції молодих вчених і спеціалістів (с. Центральне, 20 квітня 2018 р.) / НААН, МІП ім. В. М. Ремесла, М-во аграр. політики та прод. України, Укр. Ін-т експертизи сортів рослин. Вінниця: ТОВ «Нілан-ЛТД», 2018. С. 69-70.

4. Сучасні методи селекції овочевих і баштанних культур / За ред. Т.К. Горової і К.І. Яковенка. Харків, 2001. 644 с.

Маркер-асоційована селекція сільськогосподарських рослин

МІКРОСАТЕЛІТНИЙ АНАЛІЗ ГЕНОТИПІВ НУТУ ЗВИЧАЙНОГО (*Cicer arietinum* L.)

Волкова Н.Е.[1,2,3], д.б.н., **Сліщук Г.І.**[1,2,3], к.б.н., **Вожегова Р.А.**[2], д.с.-г.н., **Марченко Т.Ю.**[2], д.с.-г.н., **Сергєєв Л.А.**[3], к.с.-г.н.
[1]ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», м. Одеса
[2]Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна
[3]Одеська державна сільськогосподарська дослідна станція ІКОСГ НААН, м. Одеса, Україна

Ознака «посухотолерантність» - важлива складова формування адаптивності - є комплексною ознакою, з якою пов'язані анатомо-морфологічні та фізіолого-біохімічні механізми захисту рослини. З точки зору генетики, це складна кількісна ознака, що контролюється певною кількістю генів / локусів кількісної ознаки (*англ*. quantitative trait loci, QTL).

В групі зчеплення 4 (CaLG04) геному нуту ідентифіковано регіон «QTL-hotspot», що містить локуси для кількох ознак, пов'язаних із толерантністю до посухи [1, 2]. Дана область відповідає за 58,2 % фенотипових варіацій. В порівнянні з рекурентними батьківськими генотипами в результаті інтрогресії QTLhotspot-регіону в елітні індійські сорти нуту з використанням маркер-опосередкованого беккросингу (*англ*. marker-assisted backcrossing, MABC) врожайність насіння інтрогресивних ліній збільшено на 16 % в умовах посухи та покращено такі властивості коренів, як загальна довжина, щільність довжини, площа поверхні і об'єм. В даному QTLhotspot-регіоні ідентифіковано кілька мікросателітних (МС) локусів. Отже, мета нашого дослідження полягала в аналізі поліморфізму генотипів нуту за МС локусами QTL-hotspot-регіону.

Проведено молекулярно-генетичний аналіз вибірки 41 генотипів нуту з колекції Міжнародного науково-дослідного інституту сільськогосподарських культур в напівзасушливих тропіках (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, ICRISAT) за МС локусами ICCM0249 та TAA130. Дані локуси обрано як найбільш поліморфні за результатами наших досліджень сортів нуту української селекції [3].

За МС локусом ICCM0249 виявлено три алеля розмірами 170, 180, 200 п.н. Алелі розмірами 180 п.н. та 200 п.н. співпадали з виявленими у вибірці сортів нуту української селекції. За МС локусом TAA130 виявлено шість алелів розмірами 210, 220, 225, 230, 240, 250 п.н. Слід зазначити, що виявлений у вибірці

сортів української селекції алель розміром 185 п.н. в даній вибірці 41 генотипу не встановлено. Виявлення додаткових алелів у вибірці генотипів нуту з колекції ICRISAT свідчить про алельне різноманіття МС локусів в залежності від генетичного пула, що використовується в селекції.

Подальші наші дослідження включають продовження аналізу генотипів за МС локусами TAA170, STMS11, NCPGR127, NCPGR21, виявлення типів поєднання алелів та пошук асоціацій з рівнем посухотолерантності. Це дозволить сформувати системи молекулярних маркерів для оцінки та добору генотипів нуту щодо толерантності до посухи.

Література:

1. Varshney R., Thudi M., Nayak S. et al. Genetic dissection of drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 2014. Vol. 127. P. 445–462. DOI: 10.1007/s00122-013-2230-6.

2. Barmukh R., Roorkiwal M., Dixit G. et al. Characterization of ‘QTL-hotspot’ introgression lines reveals physiological mechanisms and candidate genes associated with drought adaptation in chickpea. *J. Experimental Botany.* 2022. Vol. 73, No. 22. P. 7255–7272. DOI: 10.1093/jxb/erac348.

3. Волкова Н.Е., Сліщук Г.І., Захарова О.О., Марченко Т.Ю., Січкар В.І., Вожегова Р.А. Аналіз генотипів нуту звичайного (*Cicer arietinum* L.) за мікросателітними локусами QTL-hotspot-регіону, пов’язаного з толерантністю до посухи. *Сортовивчення та охорона прав на сорти рослин*. 2023. Т. 19, № 4. С. 225-230. DOI: 10.21498/2518-1017.19.4.2023.291223

СЕЛЕКЦІЯ ГЕНЕТИЧНО МАРКОВАНИХ ЛІНІЙ КУКУРУДЗИ ЗІ СПАДКОВИМИ ТА ІНДУКОВАНИМИ ФОРМАМИ ПАРТЕНОГЕНЕЗА

Гайдаш О. Л., к. с.-г. н., **Зубов Д. С.,** аспірант
Державна установа Інститут зернових культур Національної академії аграрних наук України, м. Дніпро, Україна

У селекції кукурудзи важливим напрямком є створення генетично маркованих ліній, що характеризуються здатністю до партеногенетичного розвитку. Сучасні молекулярно-генетичні методи дозволяють ефективно ідентифікувати та відбирати рослини з бажаними ознаками [1]. Використання SNP-маркерів дає можливість детально охарактеризувати генетичну різноманітність вихідного матеріалу та виявити локуси, пов'язані з партеногенезом [3].

Геномна селекція дозволяє прогнозувати характеристики майбутніх гібридних комбінацій на основі генотипування батьківських форм [2]. Застосування подібного підходу суттєво підвищує ефективність селекційного процесу та скорочує час створення нових гібридів.

Порівняльний аналіз гібридів кукурудзи, отриманих методами фенотипової та геномної селекції, демонструє переваги використання молекулярних маркерів [4]. Гібриди, створені на основі генетично маркованих ліній, характеризуються більш стабільним проявом цільових ознак та кращою адаптивністю до умов вирощування.

Важливим аспектом є вивчення успадкування ознаки партеногенезу та взаємозв'язку з іншими господарсько-цінними характеристиками [5]. Враховування подібних закономірностей необхідне при плануванні селекційних програм.

У період 2022–2024 рр. у ДУ Інститут зернових культур НААН проводилися масштабні дослідження з метою селекції генетично маркованих ліній кукурудзи з використанням спадкових та індукованих форм партеногенезу. Представлені результати деталізують основні етапи та досягнення роботи.

Для успішного селекційного відбору було розроблено методику виявлення генетичних маркерів, асоційованих із партеногенезом:

- Проведено секвенування ДНК ліній із різними проявами партеногенезу.
- Виділено 12 молекулярних маркерів, які охоплюють такі гени, як *matK* і *asp1*, що відповідають за ембріональний розвиток без запліднення.
- Запропоновано протокол використання маркерів у PCR-аналізі для ранньої ідентифікації генотипів із високою здатністю до партеногенезу, що скоротило тривалість аналізу на 30 %.

На базі індукованого партеногенезу було створено унікальний генофонд до якого увійшли 45 нових ліній, отриманих із використанням гаплоіндукторів.

Аналіз рівня партеногенезу показав, що 60 % ліній забезпечують отримання гаплоїдних рослин із частотою понад 80 %. Лінії були відібрані за ознаками адаптації до умов Степу та Лісостепу України, а також стабільності насіннєвої продуктивності.

Дослідження впливу індукованого партеногенезу на продуктивність рослин показали, що лінії з індукованим партеногенезом демонстрували збільшення насіннєвої продуктивності на 15–20 % за рахунок зниження гетерозисного ефекту в гібридизації.

В результаті проведених досліджень було встановлено, що швидкість регенерації гаплоїдних рослин дозволяє отримувати комерційні гібриди на 1,5 роки швидше. Відзначено, що рослини гаплоїдного походження характеризувалися підвищеною масою зерна на рослину (в середньому на 10 г).

Екологічна пластичність є ключовим параметром для використання партеногенетичних ліній у різних агрокліматичних умовах. Екологічне випробування нових гібридів було проведено в Лісостепу, Степу та Поліссі України. В результаті рівень партеногенезу у сприятливих умовах досягав 85 %, тоді як у посушливих умовах стабільність показника становила понад 70 %.

Найкращі результати були отримано серед ліній, адаптованих до умов Степу, де партеногенетичні гаплоїди характеризувалися високою виживаністю.

Нові генетично марковані лінії були інтегровані у селекційні програми, що сприяло створенню двох гібридів кукурудзи і показали урожайність 10,8–11,5 т/га в умовах нормального водозабезпечення та 8,5–9,2 т/га у посушливих умовах. Гібриди характеризуються підвищеною адаптивною здатністю, що забезпечило стійкість урожаю до коливань кліматичних факторів.

У селекції використовувались лінії з коротким періодом сходи-цвітіння, що зменшило тривалість вегетаційного періоду на 7–10 днів. Результати досліджень демонструють великий потенціал для агропромислового комплексу:

Використання гаплоїдних технологій скоротило час отримання комерційних гібридів із цільовими характеристиками, що є важливим для сучасного виробництва. Виробничі випробування показали, що нові гібриди забезпечують стабільний урожай навіть за умов 30% дефіциту вологи. Синтезовані лінії активно впроваджуються в селекційні програми, що орієнтовані на підвищення посухо- та холодостійкості.

Висновки.

Виділено 12 молекулярних маркерів, що дозволяють швидко та точно ідентифікувати генотипи кукурудзи з високим потенціалом до партеногенезу.

Розроблена методика молекулярного аналізу скоротила час селекційної оцінки на 30 % у порівнянні зі стандартними методами.

Сформовано банк із 45 нових ліній кукурудзи з підтвердженою здатністю до індукованого партеногенезу.

Лінії демонструють стабільні показники життєздатності гаплоїдів та адаптивності до різних екологічних умов.

Індукований партеногенез сприяв підвищенню насіннєвої продуктивності гібридів на 15–20 %, завдяки скороченню тривалості селекційного циклу.

У середньому маса зерна на одну рослину зросла на 10 г у порівнянні з традиційними лініями.

Лінії з індукованим партеногенезом показали стабільну продуктивність за умов посухи, зберігаючи рівень гаплоїдного відтворення на рівні 70 %.

У різних агрокліматичних умовах України продуктивність нових ліній залишалася стабільною, що свідчить про їхню екологічну пластичність.

Використання гаплоїдної технології зменшило тривалість циклу створення комерційних гібридів на 1,5–2 роки, що є критично важливим у сучасних умовах кліматичних змін.

Створено два гібриди кукурудзи з урожайністю 10,8–11,5 т/га в нормальних умовах та 8,5–9,2 т/га за посухи. Вони демонструють підвищену комбінаційну здатність та стабільність урожайності, навіть за 30 % дефіциту вологи.

Застосування генетично маркованих ліній спростило інтеграцію гаплоїдної селекції у виробничі програми, забезпечивши підвищену ефективність селекційного процесу.

Впровадження розроблених ліній у селекційні програми сприяє створенню високопродуктивних і стресостійких гібридів, що відповідають сучасним вимогам ринку.

Результати досліджень відкривають нові можливості для адаптації кукурудзи до умов посухи, холодів і скорочення тривалості вегетаційного періоду.

Література:

1. Zawadi M., Sibiya J., Mashingaidze K. et al. Molecular characterization and diversity analysis of selected maize inbred lines using single-nucleotide polymorphism markers. *Canadian Journal of Plant Science*. 2020. 101(2), 240-248. DOI: 10.1139/cjps-2020-0051 (Accessed: 2 December 2024).

2. Marcelina Vélez-Torres, J. J. García-Zavala, M. Hernández-Rodriguez et al. Genomic prediction of the general combining ability of maize lines (*Zea mays* L.) and the performance of their single crosses. *Plant Breeding.* 2018. 137(4), 379-387. DOI: 10.1111/PBR.12597 (Accessed: 2 December 2024).

3. Noyes R. Mendelian segregation for parthenogenetic embryo development at the diploid level in the flowering plant *Erigeron*. *American Journal of Botany*. 2022. DOI: 10.1002/ajb2.16071 (Accessed: 2 December 2024).

4. Beyene Y., Gowda M., Olsen M. et al. Empirical Comparison of Tropical Maize Hybrids Selected Through Genomic and Phenotypic Selections. *Frontiers in Plant Science.* 2019. 10. 1502. DOI: 10.3389/fpls.2019.01502 (Accessed: 2 December 2024).

5. ifeng Shan, S. Pang, Xuemei Wang & Jing Li. The Inheritable Characteristics of Monoecy and Parthenogenesis Provide A Means for Establishing A Doubled Haploid Population in the Economically Important Brown Alga Undaria pinnatifida (Laminariales, Alariaceae). *Journal of Phycology*. 2021. 57, 13153. DOI: 10.1111/jpy.13153 (Accessed: 2 December 2024).

Біотехнології для підвищення продуктивності агрокультур, стійкості до стресів, адаптивності до змін клімату

GAMETIC SELECTION IN ANTHER CULTURE *IN VITRO* OF BARLEY INTERSPECIFIC HYBRIDS

Bilynska O.V., PhD
Yuriev Plant Production Institute of NAAS,
Kharkiv, Ukraine

Gametic selection is a term used for designation of the phenomena associated with male (pollen) and female (embryo sac) gametophytes which occur in several experimental systems both *in vivo* and *in vitro*. Because of pollen is more sensitive to abiotic stresses (high and low temperatures, drought, salinity) than female reproductive organs, in most cases male gametophyte serves as an object of gametic selection. Tolerance to stress factors could be increased by self-pollination in stress conditions as well as by pollination of emasculated plants with surviving pollen previously collected and treated in extreme conditions [1]. Tolerant genotypes can be selected via pollen germination *in vitro* after its treatment in stress conditions [2]. Besides, it has been reported about direct selection of resistant microspores and regenerated plants by application of stress factors in anther or microspore culture *in vitro* [3]. But the latter methodological approach is considered to be a typical example of cell selection *in vitro.*

In contrast to cell selection, gametic selection in anther or microspore culture *in vitro* is a process of preferential sporophytic (callus or embryoid formation and plant regeneration) development of microspores with the sets of chromosomes carrying genes playing a crucial role in genetic control of androgenesis *in vitro* [4]. No selective agent is used. Culture *in vitro* per se selects genotypes with the certain chromosome combinations, and this resulted in production of doubled haploid (DH) populations with a specific segregation of characteristics. First of all, gametic selection *in vitro* leads to increasing androgenic ability in obtained doubled haploid lines of hybrid origin [4]. The second consequence of gametic selection is predominance of DH-lines inherited biological and agronomic characteristics from a parent possessed higher androgenic ability [5].

In this study, biotechnological and genetic peculiarities of haploid production on the basis of F_1 hybrids between *Hordeum vulgare* L. and *Hordeum spontaneum* C. Koch. Thell. in regard to gametic selection *in vitro w*ere investigated.

Donor plants were grown in field conditions. Haploids were produced using technique described earlier [6]. Eight hybrid combinations developed by crossing of cultivated spring barley line DH00-126 and variety Velikan with seven *H. spontaneum* accessions originated from Syria, Azerbaijan, Israel were used for haploid production.

H. vulgare genotypes are characterized by a high androgenic ability while wild barley accessions were recalcitrant in anther culture *in vitro*. *H. spontaneum* accession IR30009 was selected due to its less brittle spike and longer grain in comparison to other *H. spontaneum* accessions (Fig. 1). Spike and grain morphologies of F_1 hybrids were closer to wild barley (Fig.2, 3). At the same time, high androgenic capacity of cultivated barley dominated in F_1 hybrids both in the number of morphogenic anthers and regenerated green plants (Fig. 4).



1 2 3 4

Fig. 1. Grains of H. spontaneum (1 − IR30009; 2 − IR046086; 3 − IR067213) and H. vulgare (4 – ДГ00-126).



1 2 3

Fig. 2. Spikes of spring barley line DH00-126 (1); H. spontaneum IR30009 (2); F_1 hybrid (3).



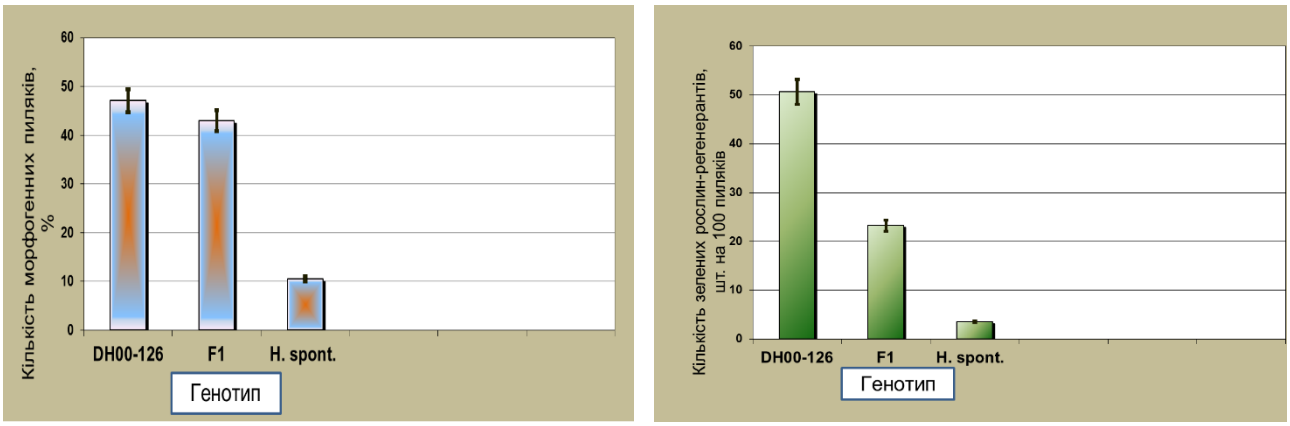
1 2 3

Fig, 3. Grains of spring barley line DH00-126 (1); F_1 (2) and H. spontaneum IR30009 (3).

In the first experiment carried out with cross combination DH00-126 × IR30009 only two spikes were used for anther isolation in order to evaluate androgenic response. Twenty green plants were regenerated. The rest 5 spikes were threshed and seeds were sown in experimental plot to obtain F_2 generation. Regenerated plants were transferred to pots with soil mixture and grown to maturity in growth room at the temperature 24–25 °C and 16 h photoperiod. Unfortunately, only two plants were fertile, 12 plants were typical haploids, 6 plants didn't form spikes at all.

In order to confirm our supposition about the influence of *H. spontaneum* growth habit on the fertility of regenerated plants, investigation aimed to study vernalization requirements of wild barley accessions was carried out. Obtained results showed that IR30009 and IR067214 could head without treatment at low temperature. But vernalization for 14 days resulted in drastic acceleration of plant growth. Fertile Ro plants looked as normal diploids and had no any undesirable characteristics of wild barley species. R_1 lines DH18-12 and DH18-13 exceeded line DH00-126 both in spike length and in number of grains. Besides, line DH18-12 inherited vernalization response and high protein content (19 %) from accession IR 30009. Predominance of *H. vulgare* characteristics in Ro plants regenerated in anther culture *in vitro* of interspecific hybrids was proved in further investigation using F_1 hybrids between seven *H. spontaneum* accessions and a high responsive variety Velikan. Totally 619 plants were produced. Plants transferred to pots with soil mixture were subjected to vernalization in greenhouse in winter to avoid the loss of DH-lines inherited *H. spontaneum* growth habit.

It is important to notice that gametic selection in anther culture *in vitro* made it possible to produce homozygous introgression lines in two years after hybridization. In contrast, a set of 41 conventionally bred introgression lines originated from cross *H. vulgare* × *H. spontaneum* was produced by three backcrosses and four rounds of self-pollination [7].



a b

Fig. 4. Induction of morphogenic structures (a) and green plant regeneration (b) in anther culture in vitro of spring barley line DH00-126, H. spontaneum IR30009 and their F_1 hybrid

Thus gametic selection occurred in anther culture *in vitro* allowed to speed up production of introgression lines on the basis of interspecific barley hybrids. However, this phenomenon is remained studied insufficiently. Further investigation should be conducted using genetically diverse plant material and molecular markers for identification of chromosome and gene sets selected via androgenesis *in vitro*.

References

1. Singh A., Ravikumar R.L., Antre S.H. Comparison of methods of pollen selection for heat tolerance and their effect in segregating population of maize (*Zea mays*). *Agric. Res.* 2021. Vol. 10, No 1. P. 15–20. Doi: 10.1007/s40003-020-00486-z.

2. Liu Z., Yuan YL., Liu SQ., Yu XN., Rao L.Q. Screening for high-temperature tolerant cotton cultivars by testing *in vitro* pollen germination, pollen tube growth and boll retention. *J. Integr. Plant Biol*. 2006. Vol. 48, No 6. P.706–714. Doi: 10.1111/j.1744-7909.2006.00276.x

3. Szarejko I. Doubled haploid mutant production. In: Doubled haploid production in crop plants. Dordrecht: Kluwer academic publishers, 2003. P. 351–61.

4. Petolino J.F., Jones A.M. Thompson S.A. Selection for increased anther culture response in maize. *Theor. Appl. Genet.* 1988. Vol. 6. P. 157–159. Doi: 10.1007/BF00288847.

5. Bilynska O.V., Kuschenko O.O. Effect of gametic selection in anther culture *in vitro* on the variability in yield traits of spring barley doubled haploid lines. *Factors in experimental evolution of organisms*. K.: Logos, 2009. Vol. 7. P. 118−123.

6. Bilynska O.V., Duln'ev P.G Efficiency of spring barley haploid production in anther culture *in vitro*: comparison of basic and improved technologies. *Factors in experimental evolution of organisms*. K.: Logos, 2019. Vol. 25. P. 178−183. Doi:10.7124/FEEO.v. 25.1161.

7. Zahn S., Koblenz B., Christen O., Pillen K., Maurer A. Evaluation of wild barley introgression lines for agronomic traits related to nitrogen fertilization. *Euphytica*. 2020. Vol. 216. Is. Art. 39. Doi: 10.1007/s10681-020-2571-6.

EXOPOLYSACCHARIDES SYNTHESIS BY *FOMITOPSIS BETULINA* IN SUBMERGED CULTIVATION

Zaichenko T.O., Barshteyn V.Yu., Ph.D., **Krupodorova T.A.,** Ph.D.
Institute of Food Biotechnology and Genomics of the National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

Fungi are widely recognized for their beneficial properties and diverse applications. Micro- and macromycetes are applied in multifarious areas such as nutrition and health, bioprocessing of raw materials, and the biotechnological production of antibiotics, acids, fodder protein, biologically active substances, and so on. One of the most attention-grabbing group of compounds synthesized by fungi are polysaccharides. Some of these are found within cells (endopolysaccharides), while others are secreted externally (exopolysaccharides – EPS).

Fungal polysaccharides are commonly regarded as therapeutic agents due to their antitumor, immunoregulatory, anti-inflammation, hypoglycemic, antioxidant, anti-aging, and other activities [1]. However, they have also been studied for their potential in agricultural plant protection [2]. While micromycetes fungi are primarily used as sources of bioactive polysaccharides against plant pathogens [3–5], there is some evidence supporting the protective effects of polysaccharides derived from macromycetes. In particular, polysaccharides from *Lentinula edodes* have shown effectiveness against bacterial wilt in tomato and lima bean plants [6], *Colletotrichum lagenarium* in cucumber seedlings [7], and tobacco mosaic virus in tobacco seedlings [8]. Additionally, polysaccharides from *L. edodes* and *Pleurotus ostreatus* have demonstrated activity against bacterial spot in tomato plants [5]. Despite these findings, research on the use of other macrofungi for plant protection remains limited.

Fomitopsis betulina (Bull.) B.K. Cui, M.L. Han and Y.C. Dai (formerly *Piptoporus betulinus*) is known as the Birch polypore mushroom. This fungus parasitizes on *Betula* spp. across the northern temperate zones. In addition, this polypore is remarkable by its biological activities (antimicrobial, antiviral, antioxidant, etc.) [9]. The EPS of *F. betulina* have been studied only in our previous study [10] under static cultivation conditions, making their further investigation an area of interest for researchers.

The aim of the study was to evaluate the ability of *F. betulina* to produce EPS during submerged cultivation.

F. betulina IBK 2777 strain was kindly supplied by the Mushroom Culture Collection (IBK) of the M.G. Kholodny Institute of Botany of the National Academy of Sciences of Ukraine [11]. The fungal culture was grown in submerged dynamic conditions on liquid glucose-peptone-yeast medium in Erlenmeyer flasks. Culture was maintained on shaker at 120 rpm and 26±1°C during 15 days. EPS were determined in separated from mycelia culture liquid by the phenol-sulfuric acid method [12].

As expected, concentration of EPS increased during the cultivation process (Fig.). The highest yield of EPS – 3.99±0.09 g/l – was obtained at the 13^{th} day of cultivation. Notably, the rate of EPS accumulation was significantly higher between the 7^{th} to 13^{th} day of incubation (approximately 0.46 g/l per day) compared to the first

week (0.17 g/l per day). A sharp decline in EPS levels was recorded on the 15th day. This trend may be attributed to the life cycle of the fungus, particularly its capacity to excrete polysaccharides. As fungal cells in the closed system gradually disintegrated due to nutrient depletion, some EPS might have been released during cell lysis. However, EPS synthesis eventually ceased as the cells died and degraded.

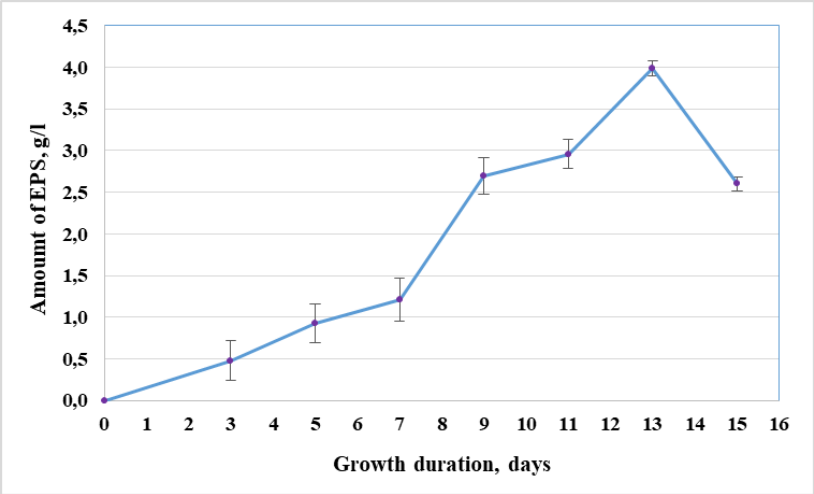


Figure. The dynamic of EPS accumulation in submerged

In our previous research [10], EPS were evaluated in culture liquid obtained after 14 days of surface static cultivation. For *F. betulina* IBK 2777 strain, EPS synthesis in the same glucose-peptone-yeast medium was crucially lower (0.18±0.05 mg/l). Higher amounts were determined on other media: 0.66±0.15 mg/l on Sabouraud dextrose broth, 0.82±0.26 mg/l on maltose extract broth, and 1.33±0.47 mg/l on potato dextrose broth. As shown, even the maximum EPS yield under static conditions was considerably lower than that achieved in submerged culture. This difference could be attributed to the lower rates of diffusion and mass transfer in static conditions, leading to suboptimal biosynthesis. Moreover, the incubation period may have been unsuitable.

This study demonstrates that submerged cultivation is a suitable method for EPS production by *F. betulina*. These findings provide an initial step toward the production and further in-depth exploration of fungal polysaccharides. To enhance biosynthesis, optimization of growth parameters (method of cultivation, nutrient media content, duration, temperature and pH of incubation) should be carried out. The obtained fungal EPS could be purified, identified, and investigated to evaluate their bioactivities, including potential applications in plant protection.

References:

1. Wang W., Tan J., Nima L., Sang Y., Cai X., Xue H. Polysaccharides from fungi: A review on their extraction, purification, structural features, and biological activities. *Food Chemistry*. 2022. Vol. 15, article No 100414. DOI: 10.1016/j.fochx.2022.100414.

2. Osińska-Jaroszuk M., Jarosz-Wilkołazka A., Jaroszuk-Ściseł J., Szałapata K., Nowak A., Jaszek M., Ozimek E., Majewska M. Extracellular polysaccharides from Ascomycota and Basidiomycota: production conditions, biochemical characteristics,

and biological properties. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2015. Vol. 31. P. 1823–1844. DOI: 10.1007/s11274-015-1937-8.

3. Albersheim P., Valent B. Host-pathogen interactions in plants. Plants, when exposed to oligosaccharides of fungal origin, defend themselves by accumulating antibiotics. *Journal of Cell Biology*. 1978. Vol. 78. P. 627–643. DOI: 10.1083/jcb.78.3.627.

4. Šrobárová A., Kogan G., Tamas L., Machová E. Protective Activity of the Fungal Polysaccharides against Fusariosis. *Plant Protection Science*. 2002. Vol. 38, special issue No 2. P. 617–619. DOI: 10.17221/10571-PPS.

5. Aguiar T., Luiz C., Neto A. C. R., Di Piero R. M.. Residual polysaccharides from fungi reduce the bacterial spot in tomato plants. 2018. *Bragantia*. Vol. 77, No 2. DOI: 10.1590/1678-4499.2016514.

6. Pacumbaba, R. P., Beyl, C. A., Pacumbaba, R. O., Jr. Shiitake mycelial leachate suppresses growth of some bacterial species and symptoms of bacterial wilt of tomato and lima bean in vitro. *Plant Disease*. 1999. Vol. 83, No 1. P. 20–23. DOI: 10.1094/PDIS.1999.83.1.20.

7. Di Piero R. M., Wulff N. A.; Pascholati S. F. Partial purification of elicitors from *Lentinula edodes* basidiocarps protecting cucumber seedlings against *Colletotrichum lagenarium*. *Brazilian Journal of Microbiology*. 2006. Vol. 37, No. 2. P. 175–180. DOI: 10.1590/S1517-83822006000200015.

8. Wang J., Wang H.-Y., Xia X. M., Li P.-P., Wang K.-Y. Inhibitory effect of sulfated lentinan and lentinan against tobacco mosaic virus (TMV) in tobacco seedlings. *International Journal of Biological Macromolecules.* 2014. Vol. 61. P. 264–269. DOI: 10.1016/j.ijbiomac.2013.07.005.

9. Pleszczyńska M., Lemieszek M. K., Siwulski M., Wiater A., Rzeski W., Szczodrak J. *Fomitopsis betulina* (formerly *Piptoporus betulinus*): the Iceman's polypore fungus with modern biotechnological potential. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2017. Vol. 33, No 5. DOI: 10.1007/s11274-017-2247-0.

10. Kizitska T., Barshteyn V., Sevindik M., Krupodorova T. Evaluation of *Fomitopsis betulina* strains for growth on different media and exopolysaccharide production. *Archives of Biological Sciences*. 2024. Vol. 76, No 3. P. 257–265. DOI: 10.2298/ABS240523018K.

11. Bisko N., Lomberg M., Mykhaylova O., Mytropolska N. *IBK Mushroom Culture Collection. Version 1.8.*, The IBK Mushroom Culture Collection of the M.G. Kholodny Institute of Botany, Kyiv. 2024. URL: https://doi.org/10.15468/dzdsqu. (Accessed via GBIF.org).

12. Dubois M., Gilles K. A., Hamilton J. K., Rebers P. A., Smith F. Colorimetric method for determination of sugars and related substances. *Analytical Chemistry*. 1956. Vol. 28, No 3. P. 350–356. DOI: 10.1021/ac60111a017.

БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ТА СТРУКТУРА ГЕНІВ НИЗЬКОМОЛЕКУЛЯРНИХ БІЛКІВ ТЕПЛОВОГО ШОКУ (SHSP) У *NICOTIANA SYLVESTRIS*

Козуб Л.В., аспірант, **Панчук І.І.,** д.б.н.
Кафедра молекулярної генетики та біотехнології,
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
м. Чернівці, Україна

Абіотичні стреси, такі як посуха, засолення грунтів, екстремальні температури значно обмежують ріст і розвиток рослин, знижуючи врожайність. Це створює серйозну загрозу для сільського господарства в глобальному масштабі. Для забезпечення стабільної продуктивності важливо розуміти механізми захисту рослин і розробляти підходи для підвищення їхньої стійкості. У відповідь на несприятливі умови рослини активують комплекс фізіолого-біохімічних та молекулярних механізмів адаптації. Одним із ключових елементів цих механізмів є експресія низькомолекулярних білків теплового шоку (small heat shock proteins, sHSP), які виконують функцію молекулярних шаперонів. Вони запобігають агрегації білків під час стресу, сприяють відновленню їхньої структури та підтримують клітинний гомеостаз. Завдяки цим властивостям sHSP відіграють важливу роль у підвищенні стійкості рослин до високих температур [2, 3].

sHSP порівняно із іншими HSP мають малу молекулярну масу (12–43 кДа). Для них характерні наявність висококонсервативного α-кристалінового домену (ACD), відносно довгої варіабельної N-кінцевої та короткої C-кінцевої ділянок. N-кінець бере участь у зв'язуванні з денатурованими білками, тоді як C-кінець залучений до гомоолігомеризації через консервативний мотив та утворення гранул теплового стресу [3].

Молекулярні механізми відповіді на тепловий стрес все ще залишаються недостатньо вивченими для багатьох господарсько цінних груп рослин, зокрема представників родини Пасльонових. Перспективним модельним об’єктом для цієї родини є *Nicotiana sylvestris* – диплоїдний вид (2n=24), що походить із Південної Америки [1].

Мета нашого дослідження - охарактеризувати молекулярну організацію sHSP та генів, що їх кодують у *N. sylvestris*, зокрема, їх поліморфізм та особливості екзонно-інтронної організації.

Для цього нами було здійснено біоінформатичний пошук у базі даних GenBank та ідентифіковано 30 амінокислотних послідовностей, з яких 23 представляють цитоплазматичні sHSP класів CI-CVII, 4 мітохондріальні, 2 пластидні та 1 пероксисомальні. Всі ці білки містять консервативний ACD. За результатами вирівнювання амінокислотних послідовностей було побудовано дендрограму, яка відображає їх спорідненість. Десять білків класу CI формують окрему кладу на дендрограмі, в межах якої білок NsHSP24.6-CI утворює найдовшу гілку. Це пояснюється наявністю у його будові особливостей, які не притаманні іншим білкам класу CI, а саме: на початку ACD спостерігається

делеція двох амінокислот (RI), між ß3 та ß4 листами наявна вставка глутамінової кислоти та делеція 5 амінокислот (WHRVE) в області ß6 листа.

Білки класу CII, до якого належать 6 послідовностей, є високоподібними між собою. До класів CIII та CV належать лише по одному білку, тоді як до класів CIV, CVI, CVII - по 2 білки. Білки класу CIII та CVI мають схожість із білками класу CII та формують із ними спільну гілку на дендрограмі. Представники класів CIV та CV також відносно подібні та формують спільну гілку, тоді як білки класу CVII найбільше відрізняються від всіх решта цитоплазматичних sHSP. Крім того, у *N. sylvestris* також виявлено мітохондріальні, пластидні та пероксисомальний білки, які формують спільну, окрему від цитоплазматичних білків гілку. Також варто зазначити, що для двох пластидних та трьох мітохондріальних білків характерна делеція 5 амінокислотних залишків (EFWSS) в ділянці ß6 листа.

Аналіз екзон-інтронної структури показав, що 15 із 30 досліджуваних генів, які кодують sHSP містять від 1 до 3 інтронів (Рис.).

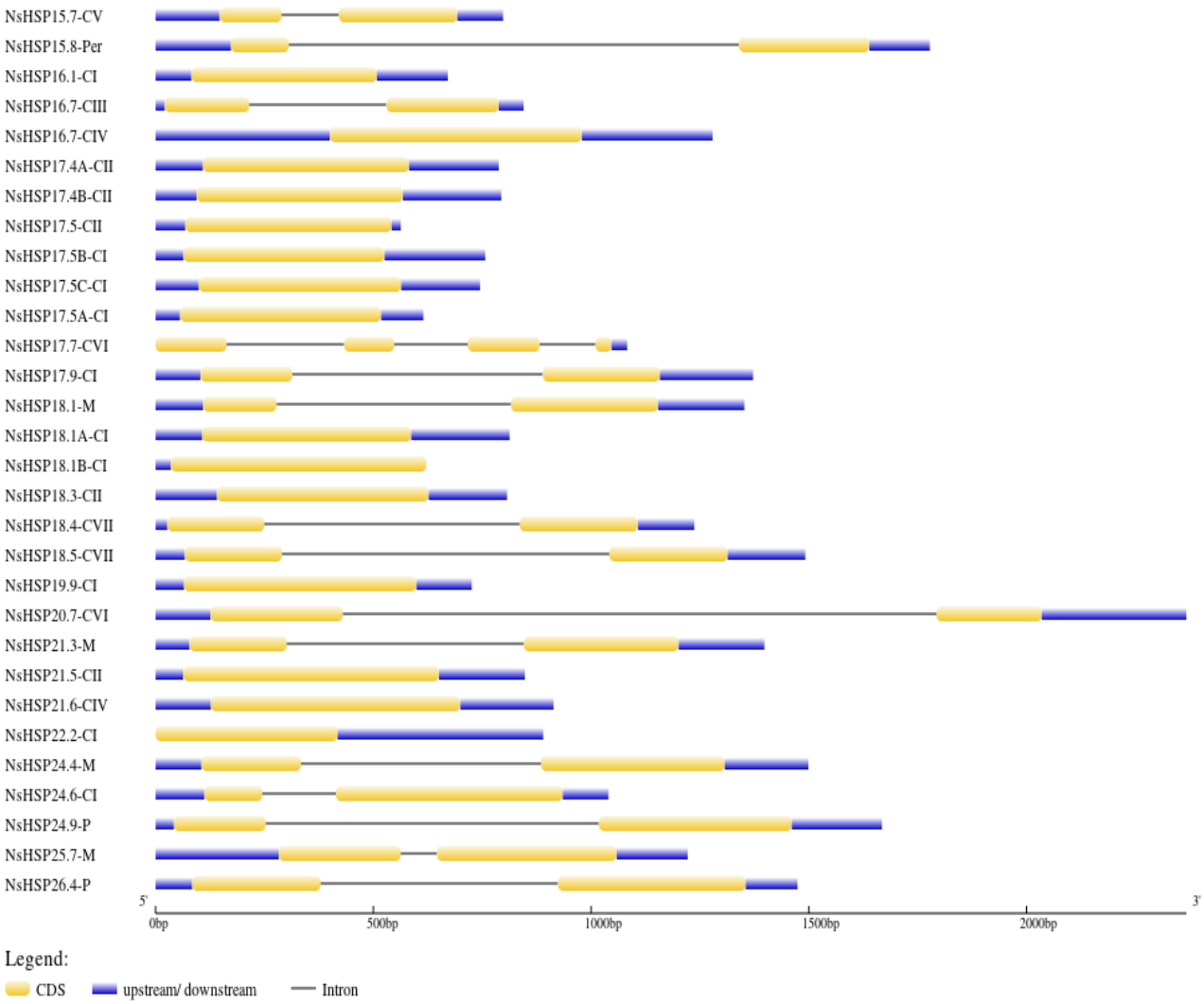


Рис. Екзон-інтронна структура генів sHSP Nicotiana sylvestris. Екзони показані жовтими рамками, UTR (ділянки екзонів, що не транслюються) - синіми рамками, а інтрони - тонкими чорними лініями

Зокрема, по одному інтрону містять всі гени білків класів CIII, CV та CVII, M, P, та Per, а також два з 10 генів класу CI. У класі CVI один ген має один, а другий – три інтрони. У класах CII та CIV інтрони відсутні. Варто зазначити, що серед усіх генів найдовший інтрон був виявлений у гена NsHSP20.7-CVI, а найкоротший – у гена NsHSP25.7-M. Можлива роль інтронів у регуляції відповіді на тепловий стрес залишається недослідженою.

Література:

1. D'Andrea L., Sierro N., Ouadi S., Hasing T., Rinaldi E., Ivanov N. V., Bombarely A. Polyploid *Nicotiana* section Suaveolentes originated by hybridization of two ancestral *Nicotiana* clades. *Frontiers in Plant Science*. 2023. Vol.14. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.999887

2. Volkov R. A., Panchuk I. I., Schöffl F. Small heat shock proteins are differentially regulated during pollen development and following heat stress in tobacco. *Plant molecular biology*. 2005. Vol. 57, P. 487-502. https://doi.org/10.1007/s11103-005-0339-y

3. Waters E. R., Vierling, E. Plant small heat shock proteins – evolutionary and functional diversity. *New Phytologist*. 2020. Vol. 227, №1. P. 24-37. https://doi.org/10.1111/nph.16536

FEATURES OF MICROCLONAL PROPAGATION OF GARDEN BLACKBERRY IN CULTURE *IN VITRO*

Kumanska Y., Candidate of Agricultural Sciences, associate professor
Sidorova I., Candidate of Agricultural Sciences, associate professor
Dubovyk N., Candidate of Agricultural Sciences
Yurchenko A., Candidate of Agricultural Sciences
Bila Tserkva National Agrarian University, Bila Tserkva, Ukraine

Blackberries are related to raspberries, belong to the Rosaceae family and include more than 200 species distributed in North America and Eurasia [1].

Blackberries are grown on an industrial scale in many countries. North America is a leader in this industry, producing more than 65,000 tonnes, of which 35,000 tonnes are produced in the US. Here, breeding programmes are implemented to improve existing and develop new blackberry varieties. Europe produces 47 thousand tonnes of this berry, including 27.5 thousand tonnes in Serbia and 13 thousand tonnes in Hungary. Significant production volumes are also observed in England, Romania, Poland, Germany and Croatia. In Ukraine, blackberries are not so common in horticulture, but in recent years there has been a growing interest in this crop from both amateur gardeners and private entrepreneurs [2, 3].

There are genetic differences between blackberries and raspberries, in particular in the number of chromosomes in the nuclei of cells. Raspberries are diploid (2n=14), while blackberries are polyploid, reaching dodecaploid ploidy levels. Most European cultivars of blackberries are tetraploids, which makes them more vigorous and productive than raspberries [1].

Microclonal propagation is an asexual vegetative propagation of plants in vitro, which produces plants genetically identical to the original parental form, which helps to maintain genetically homogeneous planting material.

Thanks to microclonal propagation of blackberries, we produce healthy virus-free seedlings in vitro. Virus-free seedlings are used to create industrial berry plantations and to establish virus-free mother plants.

These are seedlings of the highest category – healthy and propagated in the laboratory, grown in sterile conditions, without contact with pathogens and pests. Due to the absence of internal and external infection, plants obtained through in vitro culture have increased growth and development energy and increased yields.

The aim of our research was to study the peculiarities of microclonal propagation of garden blackberries in vitro.

The research was conducted at the interdepartmental research laboratory ‘Plant Biotechnology’ of Bila Tserkva National Agrarian University.

The starting material was garden blackberry varieties: Columbia, Natchez, Prime Ark Freedom.

Different explants of blackberry plants were used for microclonal propagation. Explants of all studied varieties were grown on Murashige-Skoog nutrient medium.

Microclonal propagation was carried out under controlled conditions with a photoperiod of 16 hours of illumination, temperature – 24 °C. Based on the results of

the study, we identified varieties of garden blackberry that grew and developed well in in vitro culture and were characterised by accelerated passage of all stages of microclonal propagation in in vitro culture, as well as rapid passage of the adaptation period of the resulting plants. The best and most suitable varieties for microclonal propagation are Columbia and Prime Ark Freedom.

References:

1. Blackberry https://www.britannica.com/plant/blackberry-fruit
2. Olimpieva O.K., Yulevych O.I. Influence of the nutrient medium composition on the growth and development of blackberry variety ‘Thornfrey’ in vitro. https://dspace.mnau.edu.ua/jspui/bitstream/123456789/5322/1/studentresearchjournal_sg_12_33.pdf
3. Sidorova I.M., Kumanska Y.O., Shubenko L.A. Growing Rubus fructcosus plants in vitro. Proceedings of the All-Ukrainian scientific and practical conference ‘Genetics and breeding in the modern agricultural complex’. 16 October 2020. Uman. C.168.

СПОСОБИ І ПРИЙОМИ КУЛЬТИВУВАННЯ ПРОМИСЛОВИХ КОНОПЕЛЬ СЕРЕДНЬОЄВРОПЕЙСЬКОГО ЕКОЛОГО-ГЕОГРАФІЧНОГО ТИПУ В КУЛЬТУРІ *IN VITRO*

Міщенко С.В.[1,2]**,** д. с.-г. н.
Лавриненко Ю.О.[3]**,** д. с.-г. н., професор, академік НААН
Марченко Т.Ю.[3]**,** д. с.-г. н.
[1]Інститут луб'яних культур НААН, м. Глухів, Україна
[2]Глухівський національний педагогічний університет імені Олександра Довженка, м. Глухів, Україна
[3]Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

Розвиток біотехнологій є важливим фактором еколого-економічного розвитку суспільства, який обумовлений вирішенням значної кількості економічних проблем, забезпеченням сталого розвитку природи і гарантуванням продовольчої та енергетичної безпеки. Біотехнологія у сільському господарстві доповнює традиційні методи селекції рослин (включаючи кліматично орієнтовані) та розробляє нові технології, що дозволяють підвищити ефективність виробництва загалом. При цьому клітинна і тканинна біотехнологія базується на можливості клітин існувати і розмножуватись на живильному середовищі в умовах *in vitro*, здатності до тотипотентності і регенерації (органогенезу), спадкових змінах, які можна використати в селекції.

Напрями використання культури ізольованих клітин і тканин конопель в селекції наступні:

1) відновлення колекційних зразків з насіння з низькою схожістю і життєздатністю, мікроклональне розмноження рослин (цінних генотипів) шляхом використання культури ізольованих тканин;

2) оздоровлення посадкового матеріалу (добір стійких генотипів до хвороб);

3) використання ізольованих клітин, що дає можливість отримувати рослини зі стійкістю до стресових чинників середовища (посухи, засолення, низьких і високих температур, важких металів тощо), створення нових генотипів на основі сомаклональної мінливості, штучно індукованого мутагенезу, шляхом злиття ізольованих протопластів та отримання нестатевих (соматичних) гібридів, культивування ізольованих пиляків та отримання гаплоїдів, вирощування незрілих зародків насінин тощо;

4) отримання вторинних метаболітів з калюсної тканини, вирощеної на твердому (агаризованому) або рідкому (суспензійна культура) живильному середовищі;

5) використанням культур рослинних клітин та тканин для створення нових форм методами генетичної інженерії [1].

Останнім часом в Інституті луб'яних культур НААН розроблено окремі способи і прийоми культивування промислових непсихотропних конопель середньоєвропейського еколого-географічного типу в культурі *in vitro*, зокрема:

– спосіб розмноження рослин з насіння з низькою схожістю та життєздатністю (для стерилізації насіння застосовують розчин гіпохлориту натрію у зниженій концентрації до 1,5% з експозицією 12,5 хв, насіння висаджують на живильне середовище Мурасіге і Скуга з макро- і мікроелементами у повній дозі, до складу якого входить 5,0 мг/л тіаміну, 1,0 мг/л піридоксину, 5,0 мг/л аскорбінової кислоти, 0,4 мг/л гіберелової кислоти, 4,0 мг/л бурштинової кислоти, 15,0 г/л сахарози і яке не містить нікотинової кислоти, культивують за замінної температури: 3–4 доби при температурі 20–22°С і надалі при температурі 24–26°С) [2, 3];

– спосіб індукції калюсогенезу (сегменти гіпокотиля довжиною 4–8 мм зі стерильних пагонів віком 7–14 діб культивують на середовищі Мурасіге і Скуга з макро- і мікроелементами у повній дозі, до складу якого входять 5,0 мг/л тіаміну, 1,0 мг/л піридоксину, 7,5 мг/л аскорбінової кислоти, 2,0 мг/л гліцину, 100,0 мг/л мезоінозиту, 0,5 мг/л 2,4-дихлорофеноксиоцтової кислоти, 0,3 мг/л кінетину, 0,5 мг/л гіберелової кислоти, 30,0 г/л сахарози і яке не містить нікотинової кислоти) [4, 5];

– спосіб добору *in vitro* толерантних до сольового стресу генотипів (селективними концентраціями солей у середовищі визначено наступні: хлориди – 0,25 NaCl, 0,75% $MgCl_2 \cdot 6H_2O$; сульфати – 0,5 $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 1,0 Na_2SO_4; карбонати – 0,15 Na_2CO_3, 0,30% $NaHCO_3$.) [6, 7];

– спосіб отримання тетраплоїдних рослин конопель (пагони культивують протягом 72 годин на безгормональному середовищі Мурасіге і Скуга, що містить 0,125 мг/л колхіцину та 30 г/л глюкози, з подальшим пасажем експлантів для індукції ризогенезу на середовище, що містить 0,4 мг/л індол-3-оцтової кислоти, 5 мг/л аскорбінової кислоти та 12,5 г/л глюкози, до бутонізації проводять ідентифікацію тетраплоїдних рослин за співвідношенням довжина листка до ширини, й видаляють рослини, у яких це співвідношення вище за 5,01.) [8, 9];

– додавання до середовища аскорбінової кислоти як антиоксиданта, що поліпшує виживання та ріст експлантів [10, 11];

– модифіковане живильне середовище для культивування (експериментально було встановлено оптимальний варіант модифікації середовища Мурасіге і Скуга, до якого внесено наступні зміни складових: 2400 мг/л (30 мМ) NH_4NO_3, 1768 мг/л (17,5 мМ) KNO_3, 136 мг/л (1 мМ) KH_2PO_4, 34,72 мг/л (125 мкМ) $FeSO_4 \cdot 7H_2O$, комплексованого (хелатованого) EDTA-Na_2, 12,36 мг/л (200 мкМ) H_3BO_3, комплексованого (хелатованого) $C_3H_5(OH)_3$, 0,05 мг/л (0,2 мкМ) $CuSO_4 \cdot 5H_2O$, 0,05 мг/л (0,2 мкМ) $CoCl_2 \cdot 6H_2O$, 5 мг/л аскорбінової кислоти (вітамін С), 1 г/л активованого вугілля, 10–30 г/л глюкози, 8 г/л агару і вилучено нікотинову кислоту (вітамін РР)) [11, 12].

У селекційно-генетичній роботі все більш затребуваним стає застосування біотехнологічних методів для отримання принципово нового вихідного матеріалу промислових конопель та встановлення важливих фізіологічних особливостей культури, тому описані прийоми і методи є методичною основою для подальшого використання культури *in vitro* в селекції як додаткових технологій до основних.

Література:

1. Міщенко С. В. Кліматично орієнтована селекція промислових конопель. *Climate-Smart Agriculture: Science and Practice:* Scientific monograph. Riga: Baltija Publishing, 2023. P. 455–488. DOI: 10.30525/978-9934-26-389-7-22

2. Спосіб розмноження рослин конопель з насіння з низькою схожістю та життєздатністю: пат. 120489 UA / Міщенко С. В., Лайко І. М. № u 2017 02849; заявл. 27.03.2017; опубл. 10.11.2017, Бюл. № 21.

3. Міщенко С. В. Ефективність розмноження *Cannabis sativa* L. з насіння з низькою схожістю та життєздатністю в умовах *in vitro*. *Таврійський науковий вісник.* 2018. Вип. 100. Т. 2. С. 3–8.

4. Спосіб одержання калусної тканини однодомних ненаркотичних конопель посівних (*Cannabis sativa* L.) середньоросійського еколого-географічного типу в культурі *in vitro*: пат. 132944 UA / Міщенко С. В. № u 2018 05574; заявл. 21.05.2018; опубл. 25.03.2019, Бюл. № 6.

5. Міщенко С. В. Індукція калусогенезу в технічних (промислових) конопель в умовах *in vitro*. *Луб'яні та технічні культури*. 2018. Вип. 6 (11). С. 21–28. DOI: 10.48096/btc.2018.6(11).21-28

6. Спосіб добору *in vitro* толерантних до сольового стресу генотипів конопель посівних: пат. 151514 UA / Міщенко С. В., Лайко І. М., Ткаченко С. М. № u 2022 01227; заявл. 14.04.2022; опубл. 03.08.2022, Бюл. № 31.

7. Міщенко С. В. Схожість насіння *Cannabis sativa* L. за штучно змодельованого сольового стресу в культурі *in vitro*. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2024. Т. 34. С. 193–198. DOI: 10.7124/FEEO.v34.1639

8. Спосіб отримання тетраплоїдних рослин конопель посівних *(Cannabis sativa* L.): пат. 155391 UA / Міщенко С. В. № u 2023 04622; заявл. 02.10.2023; опубл. 22.02.2024, Бюл. № 8.

9. Міщенко С. В. Штучно індукована поліплоїдія у промислових конопель. *Modern Aspects of Natural Science Research in the Context of Sustainable Development of Society:* Scientific monograph. Riga: Baltija Publishing, 2023. P. 2–27. DOI: 10.30525/978-9934-26-395-8-1

10. Міщенко С. В. Вплив аскорбінової кислоти екзогенного походження на *Cannabis sativa* L. в умовах *in vitro* та *in vivo*. *Вісник Центру наукового забезпечення АПВ Харківської області.* 2019. Вип. 26. С. 67–74.

11. Живильне середовище для культивування однодомних ненаркотичних конопель (*Cannabis sativa* L.) середньоросійського еколого-географічного типу в умовах *in vitro*: пат. 139471 UA / Міщенко С. В. № u 2019 06014; заявл. 31.05.2019; опубл. 10.01.2020, Бюл. № 1.

12. Міщенко С. В. Модифікація живильного середовища для культивування непсихотропних конопель (*Cannabis sativa* L.) середньоєвропейського еколого-географічного типу *in vitro. Луб'яні та технічні культури.* 2019. Вип. 7 (12). С. 15–23. DOI: 10.48096/btc.2019.7(12).15-23

ЕКОЛОГІЧНІ УМОВИ ТА МІКРОБІОМ ВИНОГРАДНИКІВ І ПРОБЛЕМА ІДЕНТИФІКАЦІЇ ТЕРУАРУ

Мулюкіна Н.А.[1], д.с.-г.н, **Ковальова І.А.**[1], д.с.-г.н,
Бузовська М.Б.[1], к.с.-г.н., **Ляшенко Г.В.**[1], д.геогр. наук,
Герус Л.В.[1], д.с.-г.н., **Мельник Е.Б.**[1], к.с.-г.н., **Попова Г.К.**[1],
Байрактар В.М.[2], к.б.н., **Янсе Л.А.**[3], **Тошіру Нагої**[4]
[1]Національний науковий центр «Інститут виноградарства і виноробства імені В.Є. Таїрова», м. Одеса, Україна
[2]Національний університет імені І.І. Мечникова, м.Одеса, Україна
[3]Національна академія аграрних наук, м. Київ, Україна
[4]NARO Genebank, Національний інститут агробіологічних наук, м. Ібаракі, Японія

Ідентифікація теруару важлива для виробництва вина з контрольованими найменуваннями за походженням (фр. Appellation d'origine controlée (AOC)). Для цього використовуються методичні підходи до визначення ділянок виноградних насаджень з метою виробництва вин із зазначенням походження на основі комплексного аналізу екологічних умов території та системного підходу до оцінки стану існуючих насаджень. Останнім часом для досягнення цієї мети вважається перспективною оцінка мікробіому рослин винограду та ґрунту виноградників. Серед компонентів мікробіому виноградників, які вважаються перспективними для ідентифікації теруару, виділяються, зокрема, комплекс патогенів та винні дріжджі.

Загалом дослідження винних дріжджів демонструє відмінність штамів, виділених в різні роки, з певними варіаціями в залежності від генетичного походження сорту в межах ділянок, іноді навіть близько розташованих [1, 2], що демонструє перспективність подальших досліджень щодо автохтонних штамів винних дріжджів як чинника не лише якості та автентичності продукції виноробства, але й фактору, що між рядом інших характеризує теруар.

Проте кілька досліджень виявили відсутність штамів, репрезентативних для виноробні чи регіону [1, 3, 4]. На підставі аналізу поліморфізму ДНК виявилося, що рік виділення (вінтаж) виявився фактором, який суттєво вплинув на біорізноманіття дріжджів, тоді як географічне положення (терруар) таким фактором не був [1].

Об’єктом досліджень були ділянки виноградних насаджень, хвороби багаторічної деревини винограду (чотири види відмирання – dieback) та їх збудники, а також штами винних дріжджів. В роботі було використано 64 штами *Saccharomyces cerevisiae*, виділених на 36 технічних сортах винограду в період дозрівання ягід (2012 – 2013 роки). Виділення проводили на картопляно-декстрозному агарі (картопля відварена 200 г, глюкоза 20 г, агар 17 – 20 г, вода дистильована до 1000 мл). Для аналізу нуклеотидних послідовностей і побудови дендрограми було використано версію 5.2 програми філогенетичного аналізу МЕГА та нуклеотидні послідовності ділянки - ITS1_5.8S_ITS2 рібосомальної

ДНК з NARO Genebank (https://www.gene.affrc.go.jp/databases-micro_search_en.php).

При проведені досліджень були застосовані методичні підходи до визначення ділянок виноградних насаджень з метою виробництва вин із зазначенням походження на основі комплексного аналізу екологічних умов території. Також був застосований аналітичний, експедиційний, картографічний та порівняльно-розрахунковий методи. Для проведення дослідження були використані топографічні і ґрунтові карти, матеріали ґрунтових обстежень, дані метеорологічних спостережень, програмний продукт VIN-CAD-UKR (Реєстраційний номер 4830, 04.02.2020 р., бюл. № 57).

Виділення штамів проводилося на виноградниках господарств Одеської (ДП ДГ «Таїровське», ННЦ «ІВіВ ім. В.Є. Таїрова», ВАТ «Придунайський») та Миколаївської областей (ВАТ «Коблеве»), що зумовило доцільність детального аналізу для досліджуваної території рельєфу, ґрунтів, клімату та погодних умов в роки проведення обстежень. Виділення штамів в дослідному господарстві ДП ДГ «Таїровське» та на селекційних ділянках ННЦ «ІВіВ ім. В.Є. Таїрова» проводилося на сортах Сухолиманський білий, Одеський чорний, Каберне Совіньйон та ін.

Спроба оцінити можливості екологічних та генетичних чинників для ідентифікації теруару, зроблена в нашому дослідженні, очікувано показала різницю між екологічними умовами насаджень, розташованих в Одеській та Миколаївській областях та між Таїровською і Ізмаїльською територіальними громадами Одеської області. Ця різниця була помітна завдяки неоднаковим характеристикам ґрунтового покриву та мікрокліматичним умовам території, що, ймовірно, може призводити до змін у генетичному різноманітті винних дріжджів.

Особливо слід відмітити, що погоді умови влітку та восени в 2012 і 2013 роках (роки виділення штамів) дещо відрізнялися як від кліматичних норм, так і між дослідженими територіями.

Дослідження хвороб багаторічної деревини винограду на дослідних ділянках сорту Сухолиманський білий в Болградському та Одеському районах Одеської області показало, що домінуючою хворобою на двох ділянках є чорна плямистість (екскоріоз). Для ділянки Одеського району була також характерна симптоматика ески (відмирання, викликане ескою). Ступінь пошкодження хворобами, особливо чорною плямистістю, була більшою в Болградському районі, з огляду на більш тривалі періоди відсутності продуктивних опадів в період вегетації досліджуваних років.

На другому етапі було проведено аналіз даних видової приналежності та нуклеотидних послідовностей 64-х штамів винних дріжджів, виділених у зазначених вище регіонах, що депоновані у генобанку Японії. Як видно з даних депонованих штамів, представлених генобанком у вільному доступі, усі вони відносяться до виду *Saccharomyces cerevisiae*. Для обробки даних щодо нуклеотидних послідовностей ділянки - ITS1_5.8S_ITS2 рібосомальної ДНК було обрано програму МЕГА 5.2. Для побудови філогенетичного дерева було

використано метод попарного внутрішньогрупового незваженого середнього (unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA) .

Отримані нами дані, незважаючи на їх відносно невеликий обсяг, обмеженість інструментарію та локальність, певною мірою свідчать на користь припущення що дріжджовий терруар пов'язаний із стійкою різноманітністю *S. cerevisiae* у часі та просторі, а не з тривалим збереженням конкретних місцевих штамів у певній області чи виноробні.

Аналіз екологічних умов виноградників у регіонах виділення штамів показав різницю між екологічними умовами, що є показниками ідентифікації теруару та своєрідним «фоном» для виникнення генетичного різноманіття штамів винних дріжджів *Saccharomyces cerevisiae*.

Філогенетичний аналіз 64-х штамів винних дріжджів, виділених на 36 сортах технічного напрямку використання (ділянка - ITS1_5.8S_ITS2), які відносяться до виду *Saccharomyces cerevisiae* продемонстрував, що на кластеризацію зразків переважно впливає рік виділення, тобто агрокліматичні чинники як складова екологічних умов і в меншому ступені - сортовий склад виноградних насаджень. На наш погляд, наступним кроком має стати спроба визначення конкретних агрокліматичних факторів (температура, опади), які впливають на генетичне різноманіття винних дріжджів.

Література:

1.Vigentini I., De Lorenzis G., Fabrizio V., Valdetara F., Faccincani M. et al. The Vintage Effect Overcomes the Terroir Effect: A Three Year Survey on the Wine Yeast Biodiversity in Franciacorta and Oltrepò Pavese, Two Northern Italian Vine-Growing Areas. Microbiology, 2015. 161, 362–373.

2. Gonzales M., Chimeno S., Sturm M., Becerra L. Populations of Saccharomyces cerevisiae in Vineyards: Biodiversity and Persistence Associated with Terroir. et. al. Fermentation, 2023. 9(3), 292; https://doi.org/10.3390/fermentation9030292.

3.Santamaría P., López R., del Patrocinio Garijo M., Escribano R., González-Arenzana L., López-Alfaro I., Rosa Gutiérrez A. Biodiversity of Saccharomyces cerevisiae Yeasts in Spontaneous Alcoholic Fermentations: Typical Cellar or Zone Strains? In Advances in Grape and Wine Biotechnology; Morata, A., Loira, I., Eds.; IntechOpen: London, 2019. UK. ISBN 978-1-78984-612-6.

4.Torija M.J., Rozès N., Poblet M., Guillamón J.M., Mas A. Yeast population dynamics in spontaneous fermentations: Comparison between two different wine-producing areas over a period of three years. Anton. Leeuw. 2001. 79, 345–352.

ОСОБЛИВОСТІ ІНДУКОВАНОЇ СТІЙКОСТІ КАРТОПЛІ ДО ПОСУХИ В КУЛЬТУРІ IN VITRO

Олійник Т.М.[1], к. с.-г. н, ст. н. с., **Бойко О.А.[2],** аспірант
[1]Інститут картоплярства НААН, сел Немішаєве, Україна
[2]Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН,
м Київ, Україна

У зв'язку з глобальними змінами клімату в останні роки збільшилася тривалість засушливого періоду під час вегетації рослин, що призводить до дефіциту вологості ґрунту та впливу посухи на врожай, не дозволяючи сільськогосподарським культурам досягти свого максимального генетичного потенціалу врожайності [1]. Оскільки *Solanum tuberosum* культура, сприйнятлива до посухи [2], зміна клімату є реальною загрозою для виробництва картоплі у усьому світі та в Україні.

Зміна клімату робить нові виклики та спонукає вчених-аграріїв до пошуку ефективних практик для отримання стабільно високих врожаїв. Одним із перспективних напрямів є створення сортів зі стійкістю до посухи. Дану проблему важко вирішити з використанням тільки традиційних методів селекції. Перспективним є підвищення ефективності селекційного процесу за використання сучасних методів біотехнології, що дозволяють розширити спектр генетичного різноманіття і скоротити терміни проведення селекції. Основне місце у вирішенні цих завдань займає клітинна селекція, заснована на відборі клітинних популяцій, стійких до селективного фактору і регенерації з них цілих рослин [3,4].

Метою наших досліджень було створення та ідентифікація генотипів картоплі в культурі *in vitro* зі стійкістю до осмотичного стресу.

В дослідженнях використовували асептичні рослини сортів картоплі *S. tuberosum* (селекції Інституту картоплярства). Рослини підтримували живцюванням на середовищі Мурасіге-Скуга (МС) без гормональних добавок.

Як об'єкт досліджень використовували листкові і стеблові експлантати сортів картоплі: середньоранній – Фотинія, середньостиглі – Княгиня, Мирослава і Традиція, пізній – Родинна.

На експлантатах штучно робили насічки скальпелем для збільшення поверхні проліферації. Калюсну тканину отримували, культивуючи первинні експлантати на модифікованому середовищі Мурасіге-Скуга [5], доповненому мезоінозітом в концентрації 180-200 мг/л, фолієвою кислотою – 0,4–0,5 мл/л, кінетином – 0,2–0,3 мг/л, 2,4 -Д – 3–4 мг/л, гідролізатом казеїну – 1г/л, аденіном – 1 мг/л і гліцином – 1 мг/л. Калюсні тканини культивували в умовах абсолютної темряви за температури +25 ºС, відносної вологості 70–80 % впродовж 3–4 тижнів.

З метою імітації стресового ефекту посухи *in vitro* ми застосовували живильні середовища доповнені осмотично-активними речовинами, які знижують зовнішній водний потенціал: Поліетиленгліколь 800 (ПЕГ), це непроникна інертна осмотична сполука (з високою молекулярною масою), яка

знижує потенціал поживних розчинів, не поглинаючись рослиною або не виявляючи фітотоксичності [6], Маніт [7] та Гідрооксипролін [8].

Селекцію картоплі розпочинали з відпрацювання селективних концентрацій, в межах яких проявляється різна життєздатність клітин.

ПЕГ з молекулярною масою 8000 вводили в живильне середовище в концентраціях 5–50 мг/л. Слід зазначити, що низькі концентрації ПЕГ викликали стимуляцію приросту маси калюсної тканини, підвищені – некроз та пригнічення росту. Селективний фактор (СФ) вводили в середовища ступенево збільшуючи концентрацію в кожному, або через один пасаж на 0,5 %. Таким чином відбувалась стабілізація росту калюсної тканини з наступним селективним добором. Дія різних концентрацій (ПЕГ) проявлялась у побурінні калюсної тканини, зменшенні кількості життєздатних клітин, зменшенні або відсутності приросту маси.

В контролі (без селективного фактору) калюси сортів мали від блідо- до зеленого забарвлення і гладеньку структуровану поверхню.

Гідроксипролін (ГП) вводили в стерильне середовище МС шляхом фільтрування через мембранні фільтри Millex –YS з розміром пор 0,22 μм. концентаціях 5–15 мг/л, Манітол (М) в концентрації (5–25 %).

Дія низьких концентрацій селективного фактору ГП проявлялась у стимуляції росту клітин, більш високі концентрації суттєво не впливали на приріст тканини. Із застосуванням селективного фактору Манітол калюси мали зеленувато-коричневе забарвлення і структуру з окремими щільними глобулами.

Через 7 днів культивування спостерігали відмінності у кольорі та розмірі калюсів в різних варіантах. На 21 день культивування у варіантах за вирощування калюсів при 10 мг/л і 20 мг/л ПЕГ; 5 мг/л і 5,5 мг/л ГП та 5–10 % Манітолу зберігалась стимулююча дія СФ, що призвело до збільшення росту маси калюсів. За застосування 30 мг/л ПЕГ; 6 мг/л ГП та 15 % Манітолу, тобто поступового збільшення концентрації селективних факторів, ріст калюсів був близьким до контролю. За внесення в живильне середовище 40 мг/л ПЕГ; 7 мг/л ГП та 20 % Манітол відбувалось інгібування росту, а у варіантах з 50 мг/л ПЕГ; 7,5 мг/л ГП та 25 % Манітолу ріст калюсів був майже повністю інгібований. В усіх варіантах за винятком, варіантів за вирощування калюсів (50 мг/л ПЕГ, 7,5 мг/л ГП та 25 % Манітол), утворювались корінці de novo; колір тканини був сіро-зелений без некрозу.

При дії стресових факторів на калюсогенез і ріст калюсних тканин вдалося отримати велике різноманіття калюсів. Всі вони різнились за морфологічним потенціалом (ріст і колір). Приріст калюсної тканини зростав до 125 % в залежності від сорту, селективного фактору та його концентрації.

В кінці першого селективного добору (4 тижні) частка калюсів здатних до росту складала від 0,7 до 11,3 % в залежності від сорту та концентрації селективного фактора.

Таким чином, для отримання стійких до селективних факторів калюсних тканин доцільно використовувати високі концентрації на межі летальної дії.

Література:

1. Mitra J. Genetics and genetic improvement of drought resistance in crop plants. *Curr. Sci.* 2001. Vol. 80, No 6. P. 758–763. https://www.jstor.org/stable/24105661

2. Schafleitner R. Growing more potatoes with less water. *Trop. Plant Biol.* 2009. V 2. P. 111–121. DOI: 10.1007/s12042-009-9033-6

3. Priydarshani P.M., BatraV.K. Tissue culture of potato (*Solanum tuberosum*). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2017. Vol. 6(4). P. 489–495.

4. Gupta N., Jain V., Joseph M.R., Devi S. A. Review on Micropropagation Culture Method. *Asian J. Pharm. Res. Dev*. 2020. Vol. 8(1). P. 86–93. DOI:org/10.22270/ajprd.v8i1.653

5. Murashige T., Skoog F. Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays with Tobacco Tissue Cultures. *Physiologia Plantarum.* 1962. Vol. 15, No 3. P. 473–497.

6. Hossain M.A., Wani S.H., Bhattacharjee S., Burritt D.J., Tran, L.S.P. Drought stress tolerance in plants. *Molecular and Genetic Perspectives.* 2016. Vol. 2 . 604 p. DOI: 10.1007/978-3-319-32423-4

7. Tican A., Cioloca M., Bărăscu N., Bădărău C. L., Hermeziu M. In vitro screening of potato varieties for drought stress induced with different osmotic agents. *Studia Universitatis "Vasile Goldiş", Seria Ştiinţele Vieţii*. 2021.Vol. 31, No. 2. P. 78 – 84.

8. Івченко Т. В., Мірошніченко Т. М., Баштан Н. О, Мозговська Г. В., Крутько Р. В., Шабетя О. М. Добір in vitro міжвидових гібридів f1 помідора, придатних для використання в якості підщеп. *Овочівництво і баштанництво*. 2022. Вип. 72. С. 6–14.

ВИКОРИСТАННЯ ТЕРАПІЇ IN VITRO ДЛЯ УСУНЕННЯ ЛАТЕНТНИХ ВІРУСІВ КАРТОПЛІ

Олійник Т.М., к. с.-г. н, ст. н. с., **Шпак В.А.,** науковий співробітник
Інститут картоплярства НААН, сел Немішаєве, Україна

Виробництво насіння картоплі на «безвірусній» основі сприяє створенню насіннєвого матеріалу, вільного від вірусних інфекцій, що дозволяє знизити ризики розвитку хвороб і підвищити продуктивність культури [1]. Вірусні хвороби є однією з основних причин виродження насіннєвої картоплі і, таким чином, становлять серйозне обмеження для сталого виробництва картоплі [2,3]. Вегетативне розмноження картоплі призводить до передачі вірусів з покоління в покоління, при цьому титри вірусу накопичуються в результаті повторного розмноження та зараження [4]. Крім того, вірусні хвороби викликають підвищену сприйнятливість до інших патогенів та призводять до економічних втрат через їх негативний вплив на врожайність і якість бульб.

Одним із найбільш ефективних методів отримання «безвірусного» насіння картоплі є використання культури апікальної меристеми. Метод заснований на виділенні та культивуванні клітин апікальної меристеми – верхівкової частини рослини, де віруси часто не присутні. Такий підхід дозволяє отримати рослини, які не містять вірусів, навіть якщо вихідні рослини були уражені [5]. Поєднання методів термотерапії (обробка рослин високими температурами) та хіміотерапії (пригнічення реплікації вірусів за допомогою специфічних препаратів) сприяє більш ефективному усуненню вірусних інфекцій на стадії одержання насіннєвого матеріалу та покращенню якості майбутнього врожаю [6].

Метою наших досліджень є отримання безвірусних рослин картоплі за допомогою культури меристеми в поєднання з хіміотерапією для покращення насіннєвої якості та продуктивності сортів картоплі.

Матеріалом для досліджень слугували сорти картоплі селекції Інституту картоплярства – ранньостиглий сорт Фотинія та середньостиглі Княгиня і Мирослава. В якості антивірусних препаратів використовували Рибавірин та Грипроназин.

Для оздоровлення сорти картоплі відбирали у розсаднику випробування клонів насінницьких посівів та селекційної сівозміни. Відмітили сортотипові, добре розвинені рослини (зразки), які візуально не мали прояву вірусних хвороб. З польових рослин відібрано листя для проведення імунноферментного аналізу (ІФА). За результатами ІФА всі відібрані зразки не мали вірусної інфекції. Бульби кожного зразка пронумерували та закладали у темнову кліматичну кімнату для проходження стану спокою і проростання. Стан спокою проходив від 4 до 5 місяців залежно від сорту. Проростання бульб становило до 90%.

Після періоду спокою з кожної бульби зразка відбирали паростки для проведення ПЛР – діагностики на виявлення латентної форми ураження вірусною інфекцією та для виділення ДНК. Перед оздоровленням сортів нами

проведено генетичний контроль сортотиповості та визначено ДНК-профілі досліджуваних сортів**.**

За результатами ЗТ-ПЛР серед діагностованих 190 паростків виявлено латентну форму *M* вірусу у 30,5 % паростків; *S* вірусу у 2,1 %. Матеріал з негативними результатами ЗТ-ПЛР тесту залучено у оздоровлення із застосуванням хіміотерапії. Проведено передобробку пагонів бульб картоплі антивірусним препаратом Рибовірин та Гропринозин.

Виділення меристем проводили за загальноприйнятою методикою асептично із апекса конуса наростання етиольованих пагонів.

Меристему виділяли у ламінар-боксі під бінокуляром *SZM*4512 із 30-кратним збільшенням з масштабною сіткою. Для регенерації рослин використовували живильне середовище Мурасіге-Скуга [7]. Регулятори росту додавали в нашій модифікації: кінетин – 0,25 мг/л, аденін – 0,25 мг/л, гіберелін – 1 мг/л, ІОК – 0,5 мг/л.

Культивування меристем проводили в кліматичній кімнаті за температури + 25–26 ºС, відносній вологості 70–80 %, 16-годинному фотоперіоді та інтенсивності освітлення 3–4 клк.

В процесі культивування спостерігали за приживленням меристем та регенерацією рослин. Фенологічні спостереження проводили на 7, 14, 21 добу розвитку рослин. Підраховували кількість утворених коренів їх довжину, висоту рослин, кількість міжвузлів у кожному варіанті. Слід зазначити що регенерація залежала в першу чергу від біологічних особливостей сорту, величини меристемного апексу та концентрації вірусінгібуючого препарату. Проведено два пасажі хіміотерапії. За результатами двох пасажів встановлено, що використання Рибавірину в концентрації 50мг/л живильного середовища, пригнічувало регенерацію у всіх ліній рослин картоплі порівняно з контролем. Висота рослин в порівнянні до контролю становила по сорту Фотинія – 26 %, Княгиня – 35 %, Мирослава – 66 %. Регенерація була низькою і відповідно по сортах становила: – 44 %; – 47 %; 48 %.

Використання препарату Гропринозин в концентрації 50мг/л під час оздоровлення виявило стимулюючий вплив на регенерацію рослин. У всіх ліній сортів відмічали, що показники кількості та довжини коренів, висоти рослин та кількості міжвузлів оздоровлених ліній перевищували контроль або були на його рівні. Висота рослин в середньому була по сорту Фотинія – 100,7 % (+ 0,7 % до контролю), Княгиня – 97 %, Мирослава – 101,4 % (+ 1,4 % до контролю). Ефективність регенерації становила: Фотинія – 60 %, Княгиня – 68 %, Мирослава – 75 %,

За проведення ПЛР діагностики рослин-регенерантів на наявність латентної вірусної інфекції у 3,2% ліній сорту Фотинія; у 2,5% ліній сорту Княгиня та у 5,3 % ліній сорту Мирослава (від загальної кількості) виявлено М вірус картоплі. Дані лінії підлягають вибракуванню.

Ефективність оздоровлення за використання препарату Рибавірин щодо вірусу М становила 80,3 %, за використання Гропринозину – 55,6 %. Ефективність оздоровлення щодо вірусу S за використання препарату Рибавірин

після оздоровлення досліджуваних сортів становила 100 %, Гропринозин – 72,3 %.

Отже, за результатами досліджень встановлено позитивний вплив застосування препаратів Рибавірин та Гропринозин на оздоровлення сортів картоплі Фотинія, Княгиня та Мирослава. Ефективність використання препарату Рибавірин на 24,7 % вища в порівнянні з використанням Гропринозину щодо вірусу М та на 27,7 % щодо вірусу S.

За морфологічної оцінки та діагностики вірусів виділено оздоровлені лінії досліджуваних сортів для наступного вивчення в польових умовах за господарсько-цінними показниками.

Література:

1. Onofre, K. F. A., Forbes, G. A., Andrade-Piedra, J. L., Buddenhagen, C. E., Fulton, J. C., Gatto, M. An integrated seed health strategy and phytosanitary risk assessment: potato in the republic of Georgia. *Agric. Syst.* 2021. 191:103144. DOI: 10.1016/j.agsy.2021.103144

2. Awasthi L. P., Verma H. N. Current status of viral diseases of potato and their eco-friendly management – a critical review. *Virol. Res. Rev.* 2017. Vol. 1(4). P.1–16. DOI: 10.15761/VRR.1000122

3. Priegnitz U., Lommen W. J. M., van der Vlugt R. A. A., Struik P. C. Impact of positive selection on incidence of different viruses during multiple generations of potato seed tubers in Uganda. *Potato Res.* 2019. No. 62. P. 1–30. DOI: 10.1007/s11540-018-9394-z

4. Priegnitz U., Lommen W. J. M. van der Vlugt R. A. A., Struik P. C. Potato yield and yield components as affected by positive selection during several generations of seed multiplication in southwestern Uganda. *Potato Res.* 2020. No. 63. P. 507–543. DOI: 10.1007/s11540-020-09455-z

5. Zhang Z., Wang Q. C., Spetz C., Blystad D. R. *In vitro* therapies for virus elimination of potato-valuable germplasm in Norway. *Scientia Horticulturae.* 2019. Vol. 249. P. 7–14. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.01.027

6. Azad M., Khatun Z., Eaton T., Hossen M., Haque M., Soren, E. Generation of Virus Free Potato Plantlets through Meristem Culture and Their Field Evaluation. *American Journal of Plant Sciences.* 2020. Vol. 11. P. 1827–1846. DOI: 10.4236/ajps.2020.1111131

7. Murashige T., Skoog F. Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays with Tobacco Tissue Cultures. *Physiologia Plantarum.* 1962. Vol. 15, No 3. P. 473–497.

Слава Україні!

ІНДУКЦІЯ РЕГЕНЕРАЦІЇ ПАГОНІВ У ЛЬОНУ ОЛІЙНОГО ПІД ВПЛИВОМ РІЗНИХ ЦИТОКІНІНІВ

Сорока А.І., д.с.-г.н.
Інститут олійних культур НААН України, м. Запоріжжя, Україна

Льон культурний *(Linum usitatissimum* L.*)* можна розглядати як культуру, яка відіграє значну роль у сільському господарстві, завдяки його універсальному використанню та перевагам. Ця рослина, що вирощується сторіччями, має подвійне призначення – це її насіння та волокно. Насіння льону відоме своєю високою харчовою цінністю, багате омега-3 жирними кислотами, лігнанами та дієтичною клітковиною, що робить його цінним дієтичним продуктом [1]. Волокно льону перетворюють у стійкий і міцний текстиль, який використовується різнобічно. Крім економічної цінності, льон також сприяє здоров'ю ґрунту та збереженню біорізноманіття, що робить його екологічно вдалим вибором у сівозмінах. Його значення не обмежується лише прямим використанням, льон є також вагомим внеском у сталу практику сільського господарства та зростаючий попит на природні, екологічно чисті продукти [2].

На додаток до цього варто відзначити потенціал даної культури у біотехнологічних практиках. Методи in vitro, забезпечуючи контрольоване середовище, надають широкі можливості для вивчення та маніпулювання ростом і розвитком рослини. Так, наприклад, метод мікроклонального розмноження дозволяє швидко регенерувати значну кількість зразків певного генотипу за достатньо короткий період. Це забезпечує отримання здорових, не вражених хворобами рослин, що має вирішальне значення як для наукових досліджень, так і комерційних застосувань. Крім того, методи in vitro застосовуються для збереження рідкісних або зникаючих сортів та видів шляхом консервування їх генетичного матеріалу в контрольованих умовах. Інший метод, – калусна культура, яка передбачає вирощування недиференційованих рослинних клітин, – це технологія, яка дає змогу отримувати велику кількість клітинної біомаси, що є джерелом біологічно активних сполук, дозволяє вивчати теоретичні питання фізіології клітини та її біосинтетичних можливостей та маніпулювати геномом. Крім того, калусні культури використовуються для вивчення впливу різних стресових станів на клітини, сприяючи розумінню реакції організму на негативну дію. Можливість застосувати селекційний тиск до величезної популяції клітин відіграє важливу роль у покращенні стійкості сортів, включаючи льон олійний, оскільки допомагає відібрати генотипи з важливими характеристиками [3].

Регенерація в калусній культурі є важливим етапом, оскільки дозволяє отримувати повноцінні рослини з недиференційованої клітинної маси. Це можливо завдяки тому, що калусні клітини тотипотентні, отже здатні диференціюватися в клітини будь-якого типу. Хоча процес регенерації може відбуватися спонтанно, однак він залежить від наявності та взаємодії фітогормонів, в першу чергу цитокінінів та ауксинів, які регулюють широкий спектр різноманітних фізіологічних процесів. Цитокініни, працюючи сумісно з

фітогормонами інших класів, відіграють ключову роль у процесі регенерації, оскільки сприяють поділу та диференціації клітин, впливають на розвиток пагонів та коренів, підвищують мобілізацію поживних речовин, що сприяє покращенню загальної стійкості рослини до стресів.

В зв'язку з вищесказаним, метою нашого дослідження було вивчити вплив деяких цитокінінів на процеси регенерації в калусній культурі льону, зокрема на частоту пагоногенезу. Використовували цитокініни як штучного, так і природного походження, а саме синтетичні сполуки 6-бензиламінопурин (БАП) і тідіазурон (ТДЗ) та зеатин (ЗЕА). Усі цитокініни додавали до модифікованого штучного поживного середовища N6 [4] в концентрації 1 мг/л. Матеріалом для експерименту слугували два сорти льону олійного (*L. usitatissimum*) різного походження – Запорізький Богатир та Еврика. Для отримання калусної культури поверхнево стерилізоване насіння пророщували в чашках Петрі, а після формування проростків гіпокотилі у вигляді 5 мм сегментів культивували на синтетичному середовищі Мурашіге та Скуга [5] з додаванням 2,4-дихлорфеноксиоцтової кислоти і БАП до моменту дедиференціації та отримання калусної маси. Надалі шматочки калусів переносили на модифіковане середовище N6, доповнене 0,05 мг/л α-нафтилоцтовою кислотою та різними цитокінінами. Культивування проводили на фоні 16-годинного фотоперіоду при температурі 25°С впродовж чотирьох тижнів. Після цього аналізували калуси за ступенем розвитку, кольором та здатністю регенерувати пагони.

Встановлено, що калус розвивався значно краще на середовищі з додаванням ТДЗ, у порівнянні з додаванням БАП чи ЗЕА, що було особливо помітно відносно калусу, де спостерігали порушення синтезу хлорофілу. Так, у обох сортів частота етильованих калусів на середовищі з ТДЗ була суттєво нижчою у випадку, коли вони культивувались на середовищі з ТДЗ, причому у сорту Запорізький богатир ця різниця була значно більшою. Що стосується БАП та ЗЕА, їхній вплив на розвиток калусу був подібним і значних відмінностей за цим параметром не виявлялось.

Відносно індукції регенерації, всі випробувані цитокініни сприяли утворенню бруньок і росту пагонів на культивованих калусах. Варіативність спостерігали лише у частоті такої індукції. ТДЗ характеризувався подібним до БАП ефектом і сприяв регенерації пагонів з частотою до 9 %. Відмінності за даним показником між цими речовинами хоча і були, однак незначні. Найкращим у нашому дослідженні виявився ЗЕА, оскільки калуси, які росли на середовищі з даним цитокініном, регенерували пагони з найвищою частотою. У цьому випадку суттєво більша частота регенерації, порівняно з ТДЗ та БАП, була відмічена у обох досліджених сортів льону. Вона складала від 11 до 24 %, в залежності від сорту. У сорту Еврика, який в цілому регенерував пагони значно гірше, це було особливо помітно, оскільки при застосуванні інших цитокінінів частота регенерації була значно нижчою.

Таким чином, продемонстровано, що зеатин, тідіазурон та бензиламінопурин, хоча й належать до одного класу фітогормонів, однак по різному впливають на процеси регенерації пагонів в калусній культурі льону олійного, що знаходить своє вираження у різній частоті пагоногезу, індукованій

цими фітогормонами. Варто також враховувати специфіку кожного сорту, оскільки генотипи льону виявляють різну реакцію при культивуванні у штучних умовах.

Література

1. Goyal A., Sharma V., Upadhyay N., Gill S., Sihag M. Flax and flaxseed oil: an ancient medicine & modern functional food. *J Food Sci Technol.* 2014. Vol. 51. P. 1633–1653.

2. Hossain M. K., Hossain M. The role of flax (*Linum usitatissimum*) in sustainable agriculture: A review. *Journal of Sustainable Agriculture*. 2014. Vol. 38(4). P. 435-455.

3. Kim J.-S., Sato M., Kojima M., Asrori M. I., Uehara-Yamaguchi Y., Takebayashi Y., Do T. N., Do T. Y., Thi K. O. N., Sakakibara H., Mochida K., Ogita S., Hirai M. Y. Multi-omics signatures of diverse plant callus cultures. *Plant Biotechnology*. 2024. Vol. 41 (3). P. 309-314.

4. Chu C. C. The N6 medium and its applications to anther culture of cereal crops. Proc. Symp. on Plant Tissue Culture. Peking: Science Press, 1978. P. 43-50.

5. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum*. 1962. Vol. 15. P. 473-497.

ВПЛИВ ЕКСТРАКТІВ ПЛАЦЕНТИ НА СХОЖІСТЬ НАСІННЯ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ

Шевченко Н.О., к.б.н., ст. дослідник, **Коваленко Г.В.,** к.б.н., **Стрибуль Т.Ф.,** к.б.н., ст. наук. співроб., **Чернобай Н.А.,** к.б.н.
Інститут проблем кріобіології і кріомедицини НАН України,
м. Харків, Україна

Продовольча проблема в сучасному світі не вирішується без застосування методів агротехніки і відповідної обробки посівного матеріалу і рослин. Незважаючи на відомі численні технології вирощування сільськогосподарських культур, швидкі зміни кліматичних умов і різні антропогені чинники вимагають нових підходів і засобів вирощування рослин за для отримання хороших врожаїв. Близько 95% усієї пшениці, що вирощується в світі – хлібна (*Triticum aestivum L.*) – м'яка пшениця [1].

Відомі методи підвищення схожості, врожайності і адаптивності рослинних культур до несприятливих умов шляхом використання різноманітних речовин штучного або природного походження для обробки насіння перед посівом. Застосування продуктів, отриманих із плаценти тварин – джерела біологічно активних органічних речовин, обумовлена підходом використання хімічного праймування як відомого метода адаптації рослин до абіотичного стресу і, як наслідок, підвищення їхньої продуктивності [2].

Метою роботи було визначення впливу обробки насіння пшениці препаратами плаценти сільськогосподарських тварин, отриманих методом низькотемпературного фракціонування на параметри початкового росту насіння пшениці озимої.

У дослідах використовували насіння озимої пшениці м'яких сортів: Верден, Соломія і Сталева. Для передпосівної обробки насіння використали зрошування насіння водою (гідропраймінг) або – біологічно активними речовинами органічного походження – розчинами плаценти тварин (Аміноплацентин і Кріоплацентин), отриманих за допомогою низькотемпературного фракціонування [3]. Пророщування насіння здійснювали в рулонах зволоженого фільтрувального паперу, за температури 22°С і вологості 90%. Кожного дня фіксували кількість пророслих насінин, а по закінченню строку пророщування в кожнім варіанті досліду для кожного досліджуваного сорту пшениці вимірювали довжину кореня і паростка, а також їхню суху масу. На основі отриманих даних розраховували схожість насіння і біометричні показники паростків (середню довжину кореня і пагону, суху масу паростка, а також параметри, що змінюються в часі: час проростання 50% насіння (T_{50}), середній час проростання (MGT) та індекс проростання (GI).

Результати показали, що передпосівна обробка насіння препаратами плаценти тварин (Аміноплацентином і Кріоплацентином) або гідропраймінгом не впливала на схожість пшениці озимої. Стимуляції зазнали певні біометричні параметри. Сорти реагували на обробку суттєвим збільшенням довжини кореня, довжини пагона і сухої маси проростків відносно вихідного насіння. Однак

порівняння впливу Кріоплацентину та Аміноплацентину на насіння пшениці з ефектами гідропраймінгу не показав суттєвих відмінностей у біометричних показниках проростків.

Аналіз змінних у часі параметрів проростання насіння пшениці після передпосівної обробки гідропраймінгом або препаратами плаценти також продемонстрував стимулюючу дію цих факторів на проростання насіння. Поліпшення цих параметрів спостерігалося у сортів Верден і Соломія переважно після гідропраймування та обробки Аміноплацентином порівняно з сухим насінням. Реакція насіння сорту пшениця Сталева на покращення змінних у часі параметрів проростання у відповідь на таку обробку була більш помірною (таблиця). Порівняння посівних, біометричних та змінних у часі показників схожості досліджуваних сортів пшениці після передпосівної обробки водою (гідропраймінг) і розчинами препаратів плаценти свідчать про те, що стимулююча дія передпосівної обробки зумовлена насамперед зволоженням зернівок.

Таблиця

Показники проростання насіння пшениці озимої за експозиції з препаратами плаценти

Сорт	Показник	Контроль	Гідропраймінг	Кріоплацентін	Аміноплацентін
Соломія	MGT, доби	4,31 ± 0,40	3,18 ± 0,13*	5,38 ± 0,35*#	4,63 ± 0,90
	T_{50}, доби	0,73 ± 0,06	0,057 ± 0,03*	0,55 ± 0,08*	0,59 ± 0,02*
	GI, ум.од.	0,91 ± 0,01	0,92 ± 0,00	0,94 ± 0,01*	0,94 ± 0,01*
Верден	MGT, доби	4,88 ± 0,56	4,56 ± 0,57	4,24 ± 0,13	4,03 ± 0,21*
	T_{50}, доби	0,69 ± 0,02	0,6 ±0,02*	0,65 ± 0,05	0,59 ± 0,02*
	GI, ум.од.	0,94 ± 0,04	0,94 ± 0,02	0,93 ± 0,02	0,95 ± 0,00
Сталева	MGT, доби	2,01 ± 0,20	2,01 ± 0,20	3,17 ± 0,29*#	2,00 ± 0,00
	T_{50}, доби	0,62 ± 0,06	0,57 ± 0,02	0,55 ± 0,01	0,59 ± 0,01
	GI, ум.од.	0,93 ± 0,03	0,95 ± 0,02	0,96 ± 0,01	0,93 ± 0,00

Примітки. * – різниця значуща порівняно з контролем, # – різниця значуща порівняно з гідропраймінгом.

Таким чином, отримані результати дослідження дозволяють зробити наступні висновки. Праймування насіння це ефективний варіант для досягнення швидшого та рівномірного проростання насіння та підвищення продуктивності сільськогосподарських рослин за нормальних та стресових умов. Обробка насіння пшениці досліджуваними розчинами покращувала певні параметри схожості та біометричні характеристики проростків. Планується проведення польових досліджень з метою вивчення можливості використання плацентарних препаратів, отриманих методом кріофракціонування, як біостимулятора для підвищення врожайності пшениці озимої. Дослідження може визначити, як біологічно активні компоненти, присутні в тканинах плаценти, такі як пептиди та фактори росту, можуть позитивно впливати на ріст пшениці, проростання насіння та стійкість до стресів навколишнього середовища. Інтегруючи ці

природні біопродукти в сільськогосподарську практику, дослідження буде спрямоване на розробку стійких методів підвищення продуктивності сільськогосподарських культур, одночасно зменшуючи залежність від хімічних добрив і синтетичних стимуляторів росту.

Література:

1. Arzani A., Ashraf M. Cultivated ancient wheats (Triticum spp.): A potential source of health-beneficial food products. *Com-prehensive Reviews in Food Science and Food Safety.* 2017. Vol. 16, No 3. P. 477–488.

2. Dydiv I. V., Dydiv O. Y., Dydiv A. I., Kokhovska I. V. Influence of growth regulator Bioglobin on yield and quality of commercial parsnip products in the conditions of Western Forest-Steppe of Ukraine. *Plant Varieties Studying and Protection*. 2021. Vol. 17, No. 1. P. 73–79.

3. Osetsky A. I., Grischenko V. I., Goltsev A. N., Kravchenko M. A., Stryuchkova E. V. Cryogenic technologies in production of pharmaceutical, cosmetic, agrotechnical formulations and biologically active food additives. *Problems of Cryobiology and Cryomedicine*. 2009. Vol. 19, No. 4. P. 488–499.

Використання біоінформатичних підходів та нейромереж («штучний інтелект) як інструментів в сільському господарстві

БІОІНФОРМАТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА СТРЕС-ІНДУКОВАНОГО ТРАНСКРИПЦІЙНОГО ФАКТОРА DREB2B АНТАРКТИЧНОГО ЗЛАКУ *DESCHAMPSIA ANTARCTICA*

Бублик О.М., к. б. н., **Андрєєв І.О.**, к. б. н., **Кунах В.А.**, д. б. н.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ, Україна

Підвищення стресостійкості позитивно впливає на рівень та стабільність врожайності агрокультур і є важливим завданням селекції в умовах глобальних кліматичних змін. Пристосування рослин до впливу негативних чинників включає активацію каскаду захисних реакцій за участі мережі стресіндукованих транскрипційних факторів (ТФ). Дослідження особливостей дії ТФ є можливим шляхом підвищення стресостійкості сільськогосподарських культур, зокрема методами трансгенезу та маркер-асоційованої селекції [1]. Одним із ключових ТФ, задіяних у відповіді рослин на посуху, сольовий та холодовий стреси, є DREB2B, що належить до групи DREB (dehydration response element binding factor) родини AP2/ERF. Участь у реакції на різноманітні стресори робить DREB2B перспективним кандидатом для вивчення та використання у генній інженерії [2].

Як об’єкт для дослідження ми обрали *Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae). Це єдиний злак, що адаптувався до виживання в Антарктиці в екстремальних умовах низьких температур, сильних осушуючих вітрів, низької доступності води у ґрунті та інтенсивного УФ випромінення [3]. Механізми адаптації цього виду до впливу абіотичних чинників представляють значний інтерес для вивчення [4]. Завдяки своїй екстремальній витривалості *D. antarctica* є потенційним джерелом генетичного матеріалу для збагачення генофонду господарсько цінних культур та підвищення їх стресостійкості [5].

Метою роботи було дослідження гена ТФ DREB2B *D. antarctica,* його альтернативних транскриптів та відповідних білкових ізоформ із використанням біоінформатичних підходів.

Шляхом аналізу баз даних SRA NCBI із фрагментами геному (SRX465632) та транскриптому *D. antarctica* (SRX5305101 – SRX5305108) та використанням як референтних послідовностей генів-ортологів інших злаків передбачено два варіанти гена *DaDREB2B*, які ймовірно є алелями. Послідовності алелей *DaDREB2B-1* і *DaDREB2B-2* відрізняються численними однонуклеотидними поліморфізмами, частина з яких є синонімічними, та інсерціями/делеціями.

Ідентичність цих послідовностей становить 93,3 %. Передбачені послідовності депоновані нами в GenBank під номерами BK068403 і BK068404.

Порівняльний аналіз послідовностей із геномної та транскриптомних баз даних показав, що ген *DaDREB2B* складається з чотирьох екзонів та трьох інтронів (рис.), а його первинний транскрипт під час процесингу піддається сплайсингу, подібно до генів-ортологів. У інших злаків внаслідок альтернативного сплайсингу *DREB2B* утворюються дві [6] або три форми транскриптів [7]. У *D. antarctica* можуть утворюватися чотири альтернативні транскрипти. Два найдовші транскрипти *dadreb2b.1a* і *dadreb2b.1b* містять усі чотири екзони. Ці два варіанти відрізняються на три нуклеотидні залишки і утворюються внаслідок присутності альтернативного сайту сплайсингу на 3′ кінці інтрона 2, що є нехарактерним для більшості злаків. Середня за довжиною транскрипційна форма *dadreb2b.2* не містить третього екзона, а найкоротший варіант *dadreb2b.3* не має 2-го і 3-го екзонів (рис.).

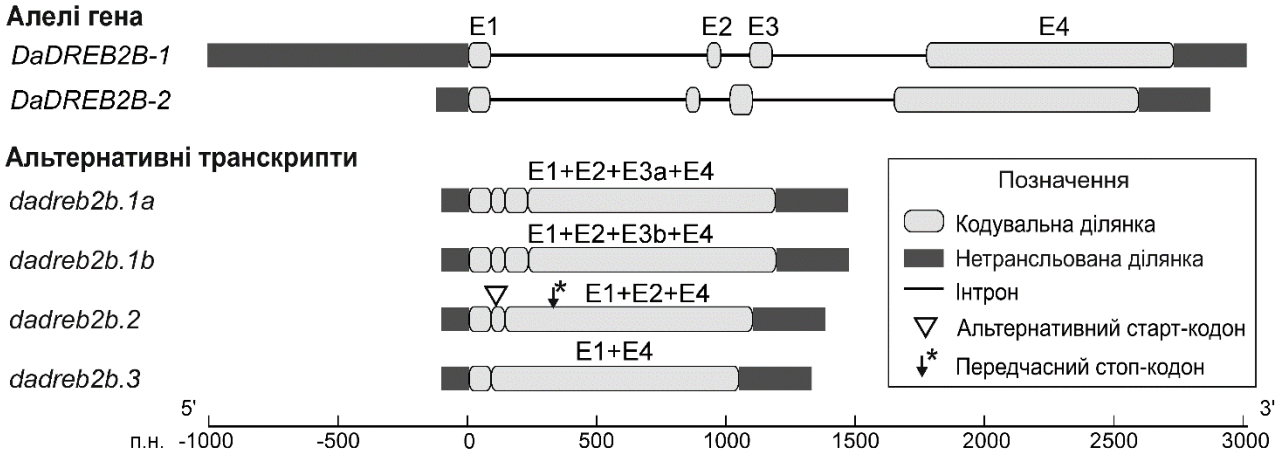


Рис. Схема інтрон-екзонної організації алелей гена DaDREB2B та його альтернативні транскрипти

Серед альтернативних транскрипів у злаків один або два кодують повнорозмірний функціональний білок, і ще одна форма має передчасний стоп-кодон і кодує вкорочений білок, позбавлений функціональних доменів (рис.). Наявність другого екзона за відсутності третього в послідовності цього транскрипта *dreb2b.2* призводить до зміщення відкритої рамки зчитування і передчасної термінації трансляції [6, 7]. У *D. antarctica* транксрипт *dadreb2b.2* окрім короткої рамки зчитування, яка кодує неактивний білок, має ще одну з нетиповим для більшості злаків старт-кодоном, розміщеним на початку 2 екзона (рис.). Ця рамка зчитування кодує білок зі зміненою N-кінцевою послідовністю, який містить ДНК-зв'язувальний AP2/ERF домен, сигнал ядерної локалізації і домен активації транскрипції. Аналогічний транскрипт із додатковою рамкою зчитування виявлений нами у базах даних геномних послідовностей лише для *Deschampsia cespitosa*, *Lolium rigidum* та *Lolium perenne*.

Аналіз експресії *in silico* показав, що в різних тканинах лабораторних і дикорослих рослин продукти експресії *DaDREB2B* представлені головним чином транскриптом *dadreb2b.2*. Для решти трьох ізоформ у базах даних виявили лише

одиничні фрагменти. Згідно літературних даних за нормальних умов експресія гена *DREB2B* у злаків приводить переважно до утворення транскрипта *dreb2b.2*, який кодує вкорочений нефункціональний білок, а під час абіотичного стресу значно підвищується кількість транскриптів, які кодують функціонально активні білки [6-8]. На відміну від літературних даних ми не виявили у *D. antarctica* з природних умов зростання, які мають характеризуватися підвищеним стресовим впливом, зростання кількості транскриптів *dreb2b.1* і *dreb2b.3*, які у інших злаків відповідальні за синтез функціонального білка. Це може свідчити на користь того, що у *D. antarctica* з найчисельнішого транскрипта *dreb2b.2* може транслюватися функціонально активний білок, який здатний до активації генів стресової відповіді регулону *DREB2B*, і, таким чином, дублює активність форм DREB2B.1 і DREB2B.3.

Ми також детально охарактеризували передбачені форми білка DaDREB2B біоінформатичними методами. Для усіх ізоформ визначено фізико-хімічні властивості, субклітинну локалізацію, сайти посттрансляційних модифікацій, передбачено домени активації транскрипції та побудовано тривимірну структуру. За результатами філогенетичного аналізу та наявністю характерних послідовностей та функціональних доменів ми підтвердили належність передбаченого нами білка до ТФ DREB2B, та припускаємо, що він може відігравати роль у відповіді на абіотичні стреси. Проведене дослідження закладає підґрунтя для подальшого вивчення механізму відповіді на абіотичний стрес у злаків та генетичного поліпшення сільськогосподарських культур.

Література:

1. Manna M., Thakur T., Chirom O., et al. Transcription factors as key molecular target to strengthen the drought stress tolerance in plants. *Physiol. Plant.* 2021. Vol. 172. P. 847–868. DOI: 10.1111/ppl.13268

2. Li X., Zhang D., Li H., et al. EsDREB2B, a novel truncated DREB2-type transcription factor in the desert legume *Eremosparton songoricum*, enhances tolerance to multiple abiotic stresses in yeast and transgenic tobacco. *BMC Plant Biol.* 2014. Vol. 14, No 44. DOI: 10.1186/1471-2229-14-44

3. Parnikoza I., Kozeretska I., Kunakh V. Vascular plants of the Maritime Antarctic: Origin and adaptation. *Am. J. Plant Sci.* 2011. No 02. P. 381–395. DOI: 10.4236/ajps.2011.23044

4. Bublyk O. M., Andreev I. O., Kunakh V. A. Prediction and analysis of stress-inducible ICE transcription factors in *Deschampsia antarctica*. *Biopolym. Cell*. 2023. Vol. 39, No 2. P. 110–130. DOI: 10.7124/bc.000A8E

5. Byun M. Y., Cui L. H., Lee A., et al. Abiotic stress-induced actin-depolymerizing factor 3 from *Deschampsia antarctica* enhanced cold tolerance when constitutively expressed in rice. *Front Plant Sci.* 2021. Vol. 12. No 734500. DOI: 10.3389/fpls.2021.734500

6. Matsukura S., Mizoi J., Yoshida T., et al. Comprehensive analysis of rice *DREB2*-type genes that encode transcription factors involved in the expression of abiotic stress-responsive genes. *Mol. Genet. Genomics.* 2010. Vol. 283. P. 185–196. DOI: 10.1007/s00438-009-0506-y

7. Niu X., Luo T., Zhao H., et al. Identification of wheat *DREB* genes and functional characterization of *TaDREB3* in response to abiotic stresses. *Gene.* 2020. Vol. 740, No 144514. DOI: 10.1016/j.gene.2020.144514

8. Tavakol E., Sardaro M. L. S., Shariati J. V., et al. Isolation, promoter analysis and expression profile of *Dreb2* in response to drought stress in wheat ancestors. *Gene.* 2014. Vol. 549. P. 24–32. DOI: 10.1016/j.gene.2014.07.020

INVOLVEMENT OF HSP PROTEINS IN DROUGHT RESPONSE, REVEALED VIA ANALYSIS OF TRANSCRIPTOMIC DATA, IN CHICKPEA (*Cicer arietinum* L.)

Slishchuk H.I., PhD (Biol.), **Volkova N.E.**, Dr.Sci. (Biol.),
Vozhehova R.A., Dr.Sci. (Agric.), **Marchenko T.Yu.**, Dr.Sci. (Agric.)
Institute of Climate-Smart Agriculture of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Odesa, Ukraine

Drought tolerance in chickpea is crucial for maintaining productivity in arid and semi-arid regions where water scarcity is a significant challenge. Chickpea, being a major legume crop, requires effective strategies to enhance its drought resilience. Genome-wide association studies (GWAS) and genomic breeding have identified key genetic markers and SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) associated with drought tolerance traits. These genetic insights facilitate the breeding of drought-tolerant varieties by targeting specific genes related to auxin transport and other drought-related traits [1, 2]. Our previous study showed involvement of chickpea heat shockprotein HSP17.6-II-like in drought stress response via transcriptomic analysis [3]. That's why the aim of this work was devoted to the *hsp8* involvement in drought tolerance in chickpea.

For differential expression analysis, we used transcriptomes from two chickpea genotypes: the drought-tolerant Kabuli Flip07 318C and the non-drought-tolerant Desi PI598080. Both genotypes were analyzed under control and simulated drought conditions [4]. The heat shock protein gene (HSP8, KJ808810.1) was used as the target for differential expression analysis, while the elongation factor 1-alpha (EF1A, NM_001365163.1) served as the reference gene for count normalization. Bowtie2 software was employed for building mRNA indexes and aligning sequencing reads to the reference genome [5]. Statistical analysis of data was performed using R [6].

Unlike HSP17.6-II-like, both genotypes showed overall decrease in HSP8 biosynthesis under drought stress conditions, although with lesser statistical significance. Drought-tolerant genotype showed lower levels of HSP8 biosynthesis than non-drought-tolerant in control conditions, while showing lesser decrease in HSP8 biosynthesis in drought stress conditions. This can be interpreted as sign of its involvement in drought tolerance mechanism – lowering of its gene expression increases drought tolerance.

Thess findings shows that HSP8, as well as other heat shock proteins are promising candidates for further investigation to reveal their differential expression patterns in drought and other abiotic stress conditions. HSP genes are also potential candidates for molecular markers development to facilitate marker-assisted breeding of drought-tolerant chickpea genotypes, as well as for transgenic approaches. Artificial lowering of HSP8 expression in chickpea can be potential way to increase drought tolerance in chickpea.

References:

1. Li Y., Ruperao P., Batley J. et al. Investigating drought tolerance in chickpea using genome-wide association mapping and genomic selection based on whole-genome resequencing data. *Frontiers in Plant Science*. 2018. Vol. 9: Article 190. DOI: 10.3389/fpls.2018.00190

2. Khassanova G., Oshergina I., Ten E. Et al. Zinc finger knuckle genes are associated with tolerance to drought and dehydration in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Frontiers in Plant Science*. 2024. Vol. 15: 1354413. DOI: 10.3389/fpls.2024.1354413

3. Slishchuk H., Volkova N., Serhieiev L. Differential expression of chickpea heat shock protein HSP17.6-II-like under simulated drought conditions, revealed by transcriptomic analysis. 6th International Scientific Conference Agrobiodiversity for Improving the Nutrition, Health, Quality of People Life and NatureA. 2024. Bolestraszyce, Poland. P 122. DOI: 10.15414/2024.9788055227702

4. Negussu M., Karalija E., Vergata C. et al. Drought tolerance mechanisms in chickpea (*Cicer arietinum* L.) investigated by physiological and transcriptomic analysis. https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0098847223002836

5. Langmead B., Salzberg S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*. 2012. Vol. 9, No 4. P. 357-359. DOI: 10.1038/nmeth.1923

6. R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. URL: https://www.R-project.org

УДОСКОНАЛЕННЯ СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ СИСТЕМ ЗА ДОПОМОГОЮ ІННОВАЦІЙ У СФЕРІ ШІ, ТА БЛОКЧЕЙНУ

Щербаков С.С., аспірант
Класичний приватний університет, м. Запоріжжя, Україна

Впровадження інноваційних технологій у сільськогосподарській галузі спрямоване на підвищення врожайності культур, оптимізацію використання ресурсів та мінімізацію впливу на довкілля [1]. Штучний інтелект у комбінації з датчиками IoT здійснює збір та аналіз даних про стан ґрунту, вологість повітря, температурний режим, рівень освітлення та інші параметри, формуючи точні рекомендації щодо поливу, внесення добрив та проведення агротехнічних заходів.

На рисунку представлено архітектуру інтелектуальної системи управління фермерським господарством, що демонструє взаємозв'язок між компонентами автоматизованого комплексу.

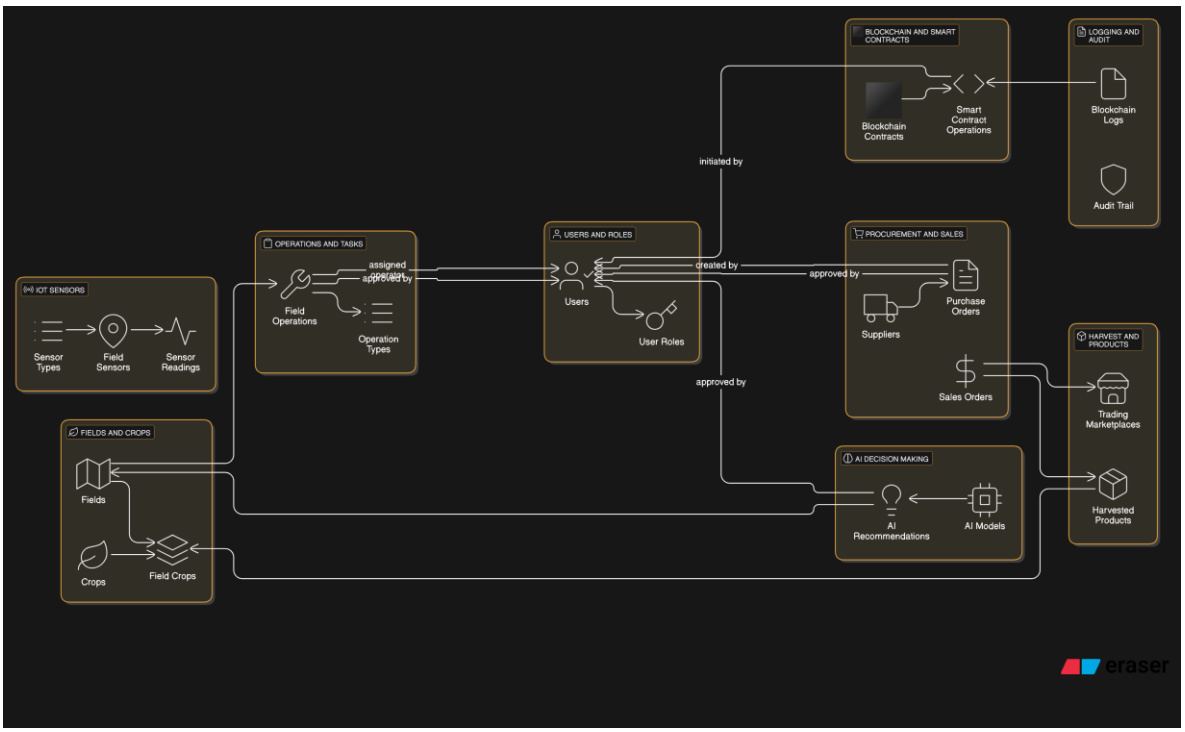


Рис. Архітектура інтелектуальної системи управління фермерським господарством

Аналіз структури системи на рис. 1 вказує на інтеграцію множини датчиків з центральним модулем обробки інформації. Алгоритми машинного навчання аналізують отримані дані та генерують команди для виконавчих механізмів: систем поливу, вентиляції, освітлення [2]. Блокчейн-технології забезпечують захищене децентралізоване зберігання в блокчейні та передачу даних між усіма елементами системи.

Штучний інтелект на етапі підготовки ґрунту аналізує дані про структуру, хімічний склад, кислотність та вміст поживних речовин у кожній ділянці поля.

Оператор отримує карту неоднорідності ґрунту та рекомендації щодо диференційованого внесення меліорантів та добрив. Людина-агроном коригує запропоновані системою норми внесення з урахуванням власного досвіду та особливостей конкретного поля.

На етапі посіву нейронні мережі аналізують історичні дані про врожайність культур у сівозміні, метеорологічні умови та економічні показники. Система пропонує оптимальні строки сівби та норми висіву для кожної ділянки поля. Оператор посівного комплексу має можливість коригувати параметри роботи повністю автоматизованої сівалки та іншої с-г техніки в режимі реального часу на основі візуальної оцінки стану ґрунту.

У період вегетації машинний зір безперервно аналізує стан посівів через систему стаціонарних камер та дронів [3]. Алгоритми розпізнавання образів виявляють ознаки захворювань, пошкодження шкідниками або дефіцит поживних речовин. Агроном отримує повідомлення про виявлені проблеми та рекомендації щодо захисних заходів, приймаючи остаточне рішення про необхідність подальшої обробки.

Блокчейн-технології створюють незмінний цифровий реєстр усіх технологічних операцій: від підготовки ґрунту до збирання врожаю [4]. Кожна дія оператора та усіх датчиків з використанням ШІ фіксується у системі з прив'язкою до координат поля та часу виконання. Смарт-контракти автоматично перевіряють відповідність виконаних робіт технологічним картам та умовам сертифікації вирощування.

Під час збирання врожаю штучний інтелект аналізує дані з датчиків роботизованного комбайну про вологість та якість зерна, формуючи карту врожайності поля [5]. Система логістики автоматично планує маршрути відвезення зерна, враховуючи продуктивність с-г техніки та місткість транспортних засобів. Оператор комбайна може оперативно коригувати дистанційно висоту зрізу та інші параметри роботи машини залежно від стану посівів.

Роботизовані системи під керуванням штучного інтелекту будуть здатні автономно виконувати польові роботи: обробіток ґрунту, сівбу, догляд за посівами та збирання врожаю. Система навігації на основі GPS забезпечить точність руху агроботів до 2 см, мінімізуючи пропуски та перекриття. Оператор задає початкові параметри роботи та контролює виконання операцій через панель управління.

Мережа агророботів формує єдину екосистему, де машини обмінюються даними про стан поля та координують свої дії. При виявленні несправності одного робота його функції автоматично перерозподіляються між іншими машинами. Оператор отримує сповіщення про зміни в роботі системи та може внести корективи у розподіл завдань.

Смарт-контракти на блокчейні дозволяють роботизованим системам автономно здійснювати закупівлю витратних матеріалів та запасних частин. При досягненні критичного рівня запасів добрив чи засобів захисту рослин система автоматично формує замовлення постачальнику. Оператор встановлює граничні ціни та обсяги закупівель, контролюючи витрати.

Штучний інтелект аналізує ринкові ціни на сільгосппродукцію та формує стратегію реалізації врожаю через електронні торгові майданчики. Смарт-контракти автоматично укладають угоди при досягненні заданих цінових умов. Людина-менеджер визначає мінімальні ціни продажу та обсяги партій, зберігаючи контроль над комерційною діяльністю.

Роботизація сільського господарства створює нові професійні ролі: оператори автономних систем, спеціалісти з налаштування штучного інтелекту, менеджери цифрових платформ. Людина залишається ключовою ланкою в прийнятті стратегічних рішень, а роботи беруть на себе рутинні операції.

Таким чином, інтеграція штучного інтелекту та блокчейн-технологій у сільськогосподарське виробництво створює передумови для підвищення ефективності всіх технологічних процесів при збереженні ключової ролі людини-оператора у прийнятті остаточних рішень.

Література:

1. Bharti V., Bhan S., Meetali et al. Impact of artificial intelligence for agricultural sustainability. *Journal of Soil and Water Conservation*. 2018. 17(4), 393-399. DOI: 10.5958/2455-7145.2018.00060.7 (Accessed: 2 December 2024).

2. Emmi L., Fernández R., Guerrero J. M. et al. Editorial: Robotics for smart farms. *Frontiers in Robotics and AI*. 2023. 9. 1113440. DOI: 10.3389/frobt.2022.1113440 (Accessed: 2 December 2024).

3. Murugan R. J., Bindhya B. N., Sreedaya G. et al. Artificial intelligence - The promise for an agricultural revolution in new era. *Agriculture Update*. 2020. 15(4). 435-437. DOI: 10.15740/has/au/15.4/435-437 (Accessed: 2 December 2024).

4. Tripathy S., Tripathy N., Rath M. et al. Smart farming based on deep learning approaches. *ODICON Conference Proceedings*. 2022. 1-5. DOI: 10.1109/ODICON54453.2022.10010165 (Accessed: 2 December 2024).

5. Misra N., Dixit Y., Al-Mallahi A. et al. IoT, big data, and artificial intelligence in agriculture and food industry. *IEEE Internet of Things Journal*. 2020. 9(4). 6305-6324. DOI: 10.22752947/40430954 (Accessed: 2 December 2024).

Молекулярна діагностика та ідентифікація патогенів рослин

МОЛЕКУЛЯРНА ВЕРИФІКАЦІЯ КУЛЬТУР ГРИБА *ALTERNARIA ETHZEDIA* E.G. SIMMONS (*A. INFECTORIA* SPECIES COMPLEX) З НАСІННЯ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ В УКРАЇНІ

Малишко В.В., аспірант
Акулов О.Ю., кандидат біол. наук
Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна
м. Харків, Україна

Аналіз якості насіннєвого матеріалу є загальноприйнятою практикою, що дозволяє оцінити потенційні ризики його використання та скоригувати систему захисту. Насіння пшениці може бути заселене різними видами грибів-контамінантів, які можуть знижувати схожість і викликати захворювання проростків. Їх шкодочинність залежить від видового складу, локалізації та ступеня розвитку. Відсутність належної діагностики може призвести до значних втрат урожаю та його якості. Багато грибів-контамінантів пшениці здатні продукувати мікотоксини, що робить споживання неякісного зерна небезпечним для здоров'я людей і тварин [5].

Пшениця — одна з найдавніших сільськогосподарських культур, яку людство використовує протягом тисячоліть. Наразі вона вирощується на великих площах у різних регіонах світу. Незважаючи на її значення та тривалу історію культивування, діагностика хвороб насіння досі залишається складним завданням. Ця проблема зумовлена низкою чинників: регіональними та сезонними особливостями видового складу патогенів, періодичною появою нових збудників хвороб, численними видами-двійниками серед контамінантів, формуванням стерильних колоній, які неможливо ідентифікувати традиційними методами [3]. Додатковою перешкодою у діагностиці є присутність на поверхні та у покровах насіння грибів-сапротрофів, що маскують і ускладнюють виявлення внутрішніх інфекцій. Вагомий прорив у діагностиці став можливим завдяки впровадженню молекулярно-генетичних методів [4].

У 2024 році нами було проведено фітопатологічну експертизу насіння 16 сортів пшениці, вирощеної в умовах Тернопільської області. Результати культуральних та вегетаційних досліджень показали, що, незалежно від сортової приналежності, склад грибів-контамінантів виявився доволі схожим. Найбільш численними в проаналізованих зразках були представники *Alternaria alternata* species complex (35,49%) та *Cladosporium spp*. (33,73%). Види роду *Fusarium* колонізували до 9,9% насінин, із середнім показником ураженості 4,27%. Менш численними в зразках насіння були представники родів *Nigrospora* (2,51%),

Epicoccum (1,26%), *Mucor* (1,50%), *Bipolaris* (0,22%), *Aureobasidium* (0,10%), *Penicillium* (0,08%), *Rhodomyces* (0,09%), *Umbellopsis* (0,08%) та *Rhizopus* (0,15%).

Під час проведення мікробіологічного аналізу на зразках усіх без виключення сортів пшениці нами було зафіксовано масовий розвиток гриба з майже стерильним, світло-забарвленим міцелієм, який колонізував від 9,6% до 28,9% насінин. Визначити культури за допомогою класичних методів виявилося неможливим, що спонукало нас застосувати молекулярно-генетичні підходи.

Для чистих культур цього виду нами було проведено аналіз послідовностей нуклеотидів ITS-регіону рибосомальної ДНК, який є загальноприйнятим маркером для первинної ідентифікації грибів. Виділення і ампліфікацію ДНК ми робили власноруч, а секвенування – на комерційній основі в компанії "Macrogen" (Нідерланди). Генетичний аналіз дозволив нам визначити культури як *Alternaria ethzedia* E.G. Simmons – представник *A. infectoria* species complex.

Представники роду *Alternaria* є типовими компонентами насіннєвої інфекції пшениці, однак через труднощі в ідентифікації їх видовий склад в Україні досліджений недостатньо. За даними літератури, у зерні пшениці зазвичай розвиваються два комплекси видів: *Alternaria alternata* та *Alternaria infectoria*. Вони є складовою асоційованої з покривами насіння інфекції та викликають захворювання, відоме як "чорний зародок" [1; 7].

Чорний зародок насіння є поширеною хворобою пшениці в Україні, причиною якої можуть бути представники різних родів темноспорових мікроміцетів, а іноді й бактерії. Хвороба проявляється у вигляді почорніння колосків і зазвичай розвивається за умов підвищеної вологості в період достигання або при затримці збору врожаю через дощову погоду. Серед грибів, що викликають почорніння зернівок, трапляються сапротрофи, які розвиваються на мертвих тканинах покривів насінини, напівсапротрофи, що колонізують мертві тканини, але завдяки продукуванню фітотоксинів здатні поступово вбивати живі тканини, а також паразити, які здатні розвиватися в живих тканинах рослини-господаря [6].

Дослідження, проведені в Київській області в умовах Правобережного Лісостепу України, показали, що основним компонентом насіннєвої інфекції пшениці був вид *Alternaria tenuissima* (Kunze) Wiltshire. Окрім цього, на насінні було виявлено вид *A. infectoria*, частка якого варіювала від 35,4% до 39% залежно від року [1].

Завдяки генетичним дослідженнями доведено, що *Alternaria infectoria* sensu lato це група споріднених видів з секції Infectoriae, що включає понад 30 таксонів. Вони являють собою окрему гілку філогенетичного дерева роду *Alternaria* і характеризуються відносно невеликими (до 70 мкм) конідіями з коротким рострумом, що утворюються в розгалужених ланцюжках на довгих, вигнутих конідієносцях. Представники цієї групи видів, на відміни від решти, мають сумчасту стадію розвитку — *Lewia spp.* [7].

Група *A. infectoria* відрізняється від інших видів роду ще й хімічно утворюючи метаболіти, які не зустрічаються в інших групах. Жоден із таксонів

групи *A. infectoria* не продукує альтернатіоли чи тенуазинову кислоту, які характерні для інших дрібноспорових *Alternaria*, або альтерсоланоли, поширені серед крупноспорових видів. Натомість таксони цієї групи продукують інфектопірони та новозеландіни, які не виявлені в інших групах *Alternaria* [2].

Багато видів групи *A. infectoria* асоціюються з представниками родини злакових (Poaceae L.) і розвиваються на надземних органах вівса, ячменю, пшениці, жита, а також кукурудзи. Деякі види, наприклад *A. triticina* Prasada & Prabhu, є агресивними фітопатогенами. Натомість, стратегії живлення більшості представників цієї групи потребують уточнення [6].

Виявлений нами вид *Alternaria ethzedia* E.G. Simmons не є хазяїн-специфічним. Він був описаний з листків капусти і переважна більшість записів про цей вид стосуються Капустяних рослин. Інформацію про верифіковані знахідки виду на зерні пшениці і ячменю з Ірану було оприлюднено у 2017 р. [7]. Про знахідку цього виду в Україні ми повідомляємо вперше.

Література

1. Голосна Л. М. Чорний зародок насіння пшениці озимої. *Карантин і захист рослин*. 2021. No 3. P. 266–271.

2. Andersen B., Sørensen J. L., Nielsen K. F., van den Ende B. G., de Hoog S. A polyphasic approach to the taxonomy of the *Alternaria infectoria* species–group. *Fungal Genetics and Biology*. 2009. 46(9). 642-656. DOI: 10.1016/j.fgb.2009.05.005

3. Kadege E., Lyimo H. J. F. Prevalence and control of wheat (*Triticum aestivum* L.) seed borne fungi in farmer-saved seeds. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*. 2015. Vol. 48, No 7. P. 601–610. DOI: 10.1080/03235408.2015.1004569.

4. Kuzdraliński A., Mazurkiewicz-Zapałowicz K., Matysiak A., Kaczor A. A review of conventional PCR assays for the detection of selected phytopathogens of wheat. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*. 2017. Vol. 27, No 3. P. 175–189. DOI: 10.1159/000480481.

5. Pathak N., Zaidi R. K. Studies on seed-borne fungi of wheat in seed health testing programme. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*. 2013. Vol. 46, No 4. P. 389–401. DOI: 10.1080/03235408.2013.765991.

6. Perelló A. E., Moreno M., Sisterna M. N. *Alternaria infectoria* species-group associated with black point of wheat in Argentina. *Plant Pathology*. 2008. 57. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2007.01713.x

7. Poursafar A., Ghosta Y., Javan-Nikkhah M. Identification of *Alternaria* species from the section *Infectoriae* associated with wheat and barley black (sooty) head mold in Iran. *Taxon. Biosyst*. 2017. 9. 13-30.

Слава Україні!

Дякуємо закладам, які взяли участь у конференції:

NARO Genebank, Національний інститут агробіологічних наук, м. Ібаракі, Японія
National Laboratory Astana, Centre for Life Sciences, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan
Білоцерківський національний аграрний університет, м. Біла Церква, Україна
ВГО «Українське товариство генетиків і селекціонерів імені М.І. Вавилова», Україна
Глухівський національний педагогічний університет імені Олександра Довженка, м. Глухів, Україна
Державна установа Інститут зернових культур Національної академії аграрних наук України, м. Дніпро, Україна
Дослідна станція «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН, с. Крути, Чернігівська обл., Україна
ДУ «Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України», м. Київ, Україна
Інститут біоенергетичних культур і цукрових буряків НААН, м. Київ, Україна
Інститут захисту рослин НААН, м. Київ, Україна
Інститут картоплярства НААН, сел Немішаєве, Україна
Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна
Інститут луб'яних культур НААН, м. Глухів, Україна
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ, Україна
Інститут овочівництва і баштанництва НААН, сел. Селекційне, Харківська обл., Україна
Інститут олійних культур НААН України, м. Запоріжжя, Україна
Інститут проблем кріобіології і кріомедицини НАН України, м. Харків, Україна
Інститут рослинництва імені В.Я. Юр'єва НААН, м. Харків, Україна
Класичний приватний університет, м. Запоріжжя, Україна
Національна академія аграрних наук, м. Київ, Україна
Національний науковий центр «Інститут виноградарства і виноробства імені В.Є. Таїрова», м. Одеса, Україна
Національний університет «Чернігівський колегіум» імені Т.Г. Шевченка, м. Чернігів, Україна
Національний університет імені І.І. Мечникова, м.Одеса, Україна
ННЦ «Інститут біології та медицини», Київський національний університет імені Тараса Шевченка, м. Київ, Україна
Одеська державна сільськогосподарська дослідна станція ІКОСГ НААН, м. Одеса, Україна
ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», м. Одеса, Україна
Уманський національний університет садівництва, м. Умань, Україна
Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна, м. Харків, Україна
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, м. Чернівці, Україна

Матеріали І Міжнародної науково-практичної конференції
«Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики»

12 грудня 2024 року

Тези друкуються в авторській редакції з мінімальними технічними правками. Автори несуть відповідальність за дотримання вимог академічної доброчесності, зміст і достовірність представлених матеріалів.

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН
вул. Маяцька дорога, 24, смт. Хліборобське
Одеський район, Одеська область
Україна, 67667
e–mail: icsanaas@ukr.net, сайт: www.icsanaas.com.ua

Materials of the Ist International Scientific and Practical Conference

"Molecular Genetics, Breeding, and Biotechnology of Agro-Cultures: Achievements and Challenges"

December 12, 2024

The abstracts are published in the authors' original version with minimal technical corrections.

The authors are responsible for adhering to the requirements of academic integrity, as well as the content and accuracy of the presented materials.

Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Khlibodarske, Maiatska doroha, 24

Odesa District, Odesa Region

Ukraine, 67667

e-mail: icsanaas@ukr.net, website: www.icsanaas.com.ua