

врожайності сої на 15–23 % залежно від удобрення. Вміст білка в насінні у варіантах досліду був у межах 36,1–38,5 % і суттєво залежав від рівня азотного живлення рослин та інокуляції. Так, за внесення $N_{30}P_{30}K_{30}$ інокуляція сприяла підвищенню вмісту білка в насінні з 36,7 до 37,9 %. Вміст олії у насінні залежав від системи удобрення і був у межах 22,0–22,9 %.

Внесення під сою $N_{30-60}P_{30-60}K_{30-60}$ та проведення інокуляції насіння сої азотфіксувальними бактеріями забезпечувало збір білка з 1 га посіву на рівні 1,55 т/га, а олії – 0,88 т/га.

Список літератури

1. Господаренко Г. М., Любич В. В., Бомко С. М. Формування врожаю сої залежно від складових агротехнологій. Київ: ТОВ «ТРОПЕА», 2021. 184 с.
2. Заришняк А. С., Цвей Я. П., Іваніна В. В. Оптимізація удобрення та родючості ґрунту у сівозмінах. за ред. А.С. Заришняка. Київ: Аграрна наука, 2015. 208 с.
3. Симбіотична азотфіксація та врожай / Г. М. Господаренко та ін. Умань: Видавець «Сочінський М. М.», 2017. 324 с.
4. Симбіотична продуктивність сої залежно від рівня удобрення в Правобережному Лісостепу / Г. М. Заболотний та ін. *Збірник наукових праць ННЦ «Інститут землеробства НААН»*. 2015. Вип. 4. С. 66–71.
5. Чинчик О. С. Ефективність симбіотичної азотфіксації в агроценозах сортів сої при різних рівнях мінерального живлення. *Подільський вісник: сільське господарство, техніка, економіка*. 2017. Вип. 26. С. 202–209.

УДК 631.527: 575.162

Григорова Н. С., здобувачка вищої освіти*
Державний біотехнологічний університет
e-mail: jarichnatochk@gmail.com

БІОІНФОРМАЦІЙНИЙ ПОШУК ОРТОЛОГІВ ГЕНА *RHT-1* У ЗЕРНОВИХ ЗЛАКОВИХ КУЛЬТУР

Ген *Reduced height-1* кодує DELLA-протеїн, що пригнічує ріст рослин, але деградує у присутності гібереліну. Через точкову мутацію відбувається передчасний обрив амінокислотного ланцюга та реініціація трансляції. Утворений усічений білок через відсутність регуляторного домена є нечутливим до дії гібереліну і викликає зменшення висоти рослин.

Це явище стало основою «Зеленої революції» 1960-х рр. – суттєвого збільшення врожайності пшениці та подолання продовольчої кризи за рахунок створення низькорослих сортів. Отримані від японського сорту *Norin-10* гени *Rht-1 (Rht-B1b)* та *Rht-2 (Rht-D1b)* присутні у близько 70 % сучасних сортів

*Науковий керівник – Попов В. М., канд. біол. наук, доц.

пшениці. Напівкарликовість дозволила перерозподілити пластичні речовини на користь формування зерна, а також пододала вилягання, що зробило такі сорти придатними до інтенсивних технологій вирощування.

Ортологи (гомеологічні локуси, що походять від спільного предка) даного гена присутні майже у всіх зернових культур. У деяких випадках вони широко використовуються і мають власні назви (*dwarf8* у кукурудзи), в інших – вивчені недостатньо. Зокрема, низькорослість рису у більшості випадків має іншу генетичну основу, хоча деякі автори [1] вважають більш перспективним тип карликовості, аналогічний пшеничному.

Геноми майже всіх зернових злаків вже секвеновано, а технології їх редагування стають все більш розповсюдженими і дешевими. В базі даних NCBI [2] вдалося знайти ортологи гена *Rht-1* у таких культур, як егілопс, ячмінь, жито, рис, овес, кукурудза, просо і сорго, а також у чотирьох видів пшениці. У поліплоїдних видів по одній послідовності знайдено у кожному геномі. У кукурудзи та проса знайдено по дві послідовності у різних хромосомах, в той час як у сорго – лише одна.

Серед 20 проаналізованих послідовностей лише одна (у хромосомі 4В пшениці твердої) належить напівкарликовому алелю, у всіх інших даних ген не обмежує ріст. Встановлено, що послідовності у межах одного геному різних видів більш подібні між собою, ніж у різних геномах одного виду. Отже, більшість поліморфізмів виникли ще до подій поліплоїдизації, що призвели до утворення культурних видів пшениці.

Знайдено досить великий (близько 120 амінокислот) консервативний регіон у функціональному домені GRAS. На жаль, його не можна використати для детекції напівкарликових алелей через реініціацію трансляції.

Філогенетичний аналіз показав, що послідовності утворюють 5 кластерів. До одного входять кукурудза, просо і сорго, до другого – всі послідовності вівса. Інші 3 кластери відповідають геномам пшениці. Не входять до кластерів рис та ячмінь. Найбільшу цікавість становить жито. Нуклеотидна послідовність більш подібна до геному В пшениці, тоді як амінокислотна – до геному D. Найбільше відрізняються між собою послідовності кукурудзи і пшениці.

Отже, сайт, мутація якого відповідає за напівкарликовість, знайдено в усіх без винятку послідовностях, але лише в одній з них така мутація наявна. Тобто, напівкарликові алелі даного гена у всіх зернових злакових культур або вже існують, або можуть бути створені.

Список літератури

1. Ferrero-Serrano A., Cantos C., Assmann S.M. The Role of Dwarfing Traits in Historical and Modern Agriculture with a Focus on Rice. *Cold Spring Harb Perspect Biol.* 2019. Vol. 11.

2. База даних Національного центру біотехнологічної інформації США. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>.