

Виділено лінії Л. 15/9 та Л. 15/10 з комбінації Percy Can / Abel, що характеризуються високою врожайністю (124 і 120 % до стандарту) і мають високий прояв ознак продуктивності волоті: довжина волоті (20,2 і 19,8 см, відповідно), кількість зерен з волоті (52,6 і 51,4 шт, відповідно), маса зерен з волоті (1,54 і 1,1,64 г, відповідно).

Дослідження виділених ліній вівса голозерного, отриманих від схрещування зразків різного еколого-географічного походження, дає можливість виділити найбільш цінні батьківські компоненти для використання в селекційних програмах на підвищення продуктивності: Abel та OM 11-3007 – обумовлюють формування у гібридних рослин високоозерненої волоті з крупним зерном; Самуель та Percy Can – обумовлюють формування максимальної маси 1000 зерен, високої кількості колосків і зерен у волоті; TP 12-115 та Скарб України – обумовлюють формування рослин з високою масою 1000 зерен.

Список літератури

1. Кравченко А.І. Особливості успадкування ознак продуктивності волоті гібридами F1 вівса голозерного. *Зрошуване землеробство*. 2023. Вип. № 79. С. 93–99. DOI <https://doi.org/10.32848/0135-2369.2023.79.13>
2. Guzman C., Mondal S., Govindan V., Autrique J.E. Use of rapid tests to predict quality traits of CIMMYT bread wheat genotypes grown under different environments. *LWT Food Sci. Technol.* 2016. 69. 327–333. Doi: 10.1016/j.atg.2016.10.004.
3. Нечипоренко Л.П., Орлов С.Д. Створення вихідного матеріалу вівса посівного з підвищеними біоенергетичними показниками і на його основі сорту «Денка». *Біоенергетика*. 2020. 1 (15). С. 26–29. DOI: <https://doi.org/10.47414/be.1.2020.224951>
4. Kravchenko A., Hoptsii T., Kyrychenko V., Hudym O., Chuiko D. Transgressive variation in productivity traits in F2 naked oat hybrids. *Scientific Horizons*. 2023. 26 (8), 23–32. DOI: 10.48077/scihor8.2023.23.
5. Діордієва І.П. Характеристика ліній пшениці м'якої озимої, створених за участю пшениці спельти. *Генетичні ресурси рослин*. 2019. № 24. С. 57–64. DOI: 10.36814/pgr.2019.24.04

УДК 577.212

Красінська П. М., здобувачвищоїосвіти*
Державний біотехнологічний університет
e-mail: polinakrasinskaya@gmail.com

БІОІНФОРМАЦІЙНИЙ ПОШУК ГЕНА G-TMT У АМАРАНТУ

Важливим напрямком використання амаранту є виробництво олії, значна

*Науковий керівник – Лиманська С. В., канд. біол. наук, доцент

перевагаючи полягає у високій стійкості до окислення. При тривалому зберіганні спостерігаються лише незначні зміни жирнокислотного складу [1]. Це зумовлено достатньо високим і збалансованим вмістом токоферолів (0,3-0,4 %) [2]. В той же час, їх склад може значно варіювати залежно від виду, сорту та умов вирощування амаранту [3]. При цьому, вміст токотрієнолів в амарантовій олії незначний, але вищий, ніж в оливковій, соєвій та арахісовій оліях.

З усіх форм вітаміну Е α -токоферол проявляє найбільшу антиоксидантну активність в організмі, однак існує розбіжність в поглядах на їх відносну ефективність *in vitro*. Так, у соняшниковій олії, де на частку α -токоферолу припадає понад 90 % загального вмісту токолінів, заміна його на γ -токоферол позитивно впливає на її стабільність.

Біосинтез токоферолів у рослин відбувається у пластидах, але усі задіяні у ньому ферменти кодуються ядерними генами. Це *MPBQ/MSBQ-MT*, токоферолциклаза та γ -токоферол метилтрансфераза (*G-TMT*), що діє останнім і синтезує β -токоферол з δ -токоферолу або α -токоферол з γ -форми, залежно від того, який субстрат утворився на попередніх етапах. Через мутації відповідних генів склад токоферолів може значно змінюватись. Найбільш вивченою мутацією гена *G-TMT* є *tph2* у соняшнику, але вона локалізована не у кодуючій послідовності, а у регуляторних ділянках. Дана мутація порушує синтез α -токоферолу і значно підвищує вміст γ -токоферолу. Олія мутантних за даним геном гомозигот соняшнику містить більше 90 % γ -Т і менше 10 % α -Т, тоді як олія дикого типу – навпаки.

На даний момент доступні секвенування геноми видів *Amaranthus cruentus* і *A. hypochondriacus*, але окремі гени в них не локалізовано. В той же час, в базі даних NCBI наявні автоматично передбачені кодуючі послідовності двох паралогів гена *G-TMT* у видах *A. tricolor*, які не розділено на окремі екзони. Таким чином, на даний момент послідовності гена *G-TMT* у зернових видів амаранту не визначено.

З використанням послідовностей *XM_057673691.1* та *XM_057688712.1* виду *A. tricolor* знайдено гени-кандидати у хромосомах 3 та 4 попередніх двох видів. При цьому у *A. tricolor* гени локалізовані в хромосомах 3 та 1 відповідно.

Ген-кандидат у хромосомі 4 *A. cruentus* розташований в позиції 17130306..17135226 і має довжину 4921 п.н. (з урахуванням стоп-кодону TAA). CDS має довжину 1104 п.н. і складається з 6 екзонів довжиною 431, 160, 105, 204, 103 і 101 п.н. відповідно. Довжина інтронів - 1039, 1297, 88, 1310 і 80 п.н.

Його паралог у хромосомі 3 займає положення 25989838..25994808, довжина – 4971 п.н. CDS також складається з 6 екзонів довжиною 247, 155, 105, 204, 103 і 101 п.н. і має загальну довжину 915 п.н. Довжина інтронів – 480, 1310, 942, 966 і 355 п.н.

У геномі *A. hypochondriacus* гени кандидати знаходяться на ланцюгах, комплементарних секвенуванню. В хромосомі 4 ген-кандидат займає положення 9916053..9921075 і має довжину 5023 п.н. Довжина інтронів становить 1009, 1425, 88, 1314 і 80 п.н. Довжина гена-кандидата у хромосомі 3 складає 4485 п.н., положення – у позиціях 1634279..1638763. Довжина інтронів становить

466, 1280, 913, 554 і 354 п.н. Довжина екзонів в обох випадках – аналогічна послідовностям *A. cruentus*.

З наведених даних видно, щокодуєчі послідовності зернових видів амаранту не відрізняються за довжиною. У хромосомі 3 вони містять 6 позицій однонуклеотидних поліморфізмів, що призводять до двох амінокислотних замін, а у хромосомі 4 – повністю ідентичні. При цьому вони дещо відрізняються від послідовностей овочевого виду *A. tricolor*. Це підтверджує таксономічну близькість видів *A. cruentus* та *A. hypochondriacus*, виникнення яких ймовірно є результатом одомашнення *A. hybridus* різних географічних зонах[4].

Тим не менш, розходження видів відбулося достатньо давно, щоб накопичилися значні зміни в інтронах. Зокрема, довжина інтрона 4 у хромосомі 3 відрізняється майже у два рази. Отже, ця ділянка потенційно придатна для розробки видоспецифічних праймерів ПЛР. Кодуюча ж послідовність паралогів даного гена у одного виду амаранту відрізняється достатньо, щоб можна було визначити експресію кожного з них окремо.

Література

1. Baraniak J., Kania-Dobrowolska M. The Dual Nature of Amaranth-Functional Food and Potential Medicine. *Foods*. 2022.11(4). P. 618.

2. Khamar R., Jasrai Y.T. Nutraceutical analysis of amaranth oil, avocado oil, cuminoil, linseed oil and neem oil. *International Journal of Bioassays*. 2014. Т. 3. №. 5. P. 2090-2095.

3. Nutritional Value of Amaranth. Edited by Viduranga Y. Waisundara. London. 2020. 164 P.

From zero to hero: the past, present and future of grain amaranth breeding / D.C. Joshi, S. Sood, R. Hosahatti et al. *Theoretical and Applied Genetics*. 2018. 131(9). P. 1807-1823.

УДК 631.582:632.51+633.11

Кудря Н. А., канд. с.-г. наук, доцент, **Кудря С. І.**, д-р с.-г. наук, доцент

Приходько С. М., здобувач вищої освіти

Державний біотехнологічний університет

e-mail: kudrianadiiaa@gmail.com, kudryasi.com@gmail.com

stas.prykhodko1997@gmail.com

ВПЛИВ ПОПЕРЕДНИКІВ НА ЗАБУР'ЯНЕНІСТЬ ПОСІВІВ ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ

Пшениця – провідна культура багатьох країн світу і основна зернова культура у Лісостеповій зоні України, тому система агротехнічних заходів має бути спрямована на створення більш сприятливих умов для отримання її високої продуктивності. Важливе значення при цьому мають заходи щодо виявлення кращих попередників, особливо при вирощуванні пшениці озимої за ресурсозберігаючими технологіями. Ніякий інший агрозахід не забезпечує такої економії коштів і матеріальних ресурсів, як вибір кращого попередника [1].