

Рукопис. Дисертація на здобуття наукового ступеня кандидата сільськогосподарських наук за спеціальністю 06.01.07 – плодівництво. Уманська державна аграрна академія. Умань, 2003.

2. Кондратенко П. В. Бублик М. О. Методика проведення польових досліджень з плодовими культурами. Київ. Аграрна наука, 1996.–95 с.

3. Леус В.В. Механічне прорідження зав'язі яблуні в умовах лівобережного Лісостепу України // Матеріали підсумкової наукової конференції професорсько-викладацького складу і здобувачів вищої освіти. (м. Харків, 18-19 січня 2022 р.). Харків: ДБТУ, 2022. - С.100-102

4. Мельник О.В. Інтенсивний яблуневий сад: закладання та догляд. Новини садівництва. 2019. №1. С. 2–3.

5. Сіленко, В.О. Сучасні технології садівництва. Практикум / Навчальний посібник. В.О. Сіленко. – Вінниця: ТОВ «Нілан-ЛТД», 2015. –182 с.

УДК 633.11:577.212.3

Лиманська С. В., канд. біол. наук, Голденков В. С., здобувач вищої освіти
Державний біотехнологічний університет
e-mail: svetlanalymanska@gmail.com

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНУ *Q* У ПРЕДСТАВНИКІВ РОДУ *TRITICUM L.*

Пшениця є головною продовольчою культурою в Україні і світі. Існує постійна потреба у поліпшенні ознак продуктивності і стійкості сортів пшениці. Донорами цих ознак є різноманітні види пшениць. Але багато з них мають ламкий колос та плівчасте зерно. Ці ознаки контролюються домінантним геном *Q*. Можливість контролювати його успадкування у гібридів сприятиме ефективному добору бажаних генотипів у лабораторних умовах, що суттєво полегшить та прискорить селекцію пшениці. Також ген *Q* відноситься до генів «великої генетики» пшениці, а отже його всебічне вивчення має значення для розвитку фундаментальної науки.

Метою роботи було дослідити поліморфізм гену *Q* у різних видів пшениці.

Ген *Q* належить до родини транскрипційних факторів *APETALA2*, які контролюють розвиток квітки у рослин [1]. Зміна всього в одній парі нуклеотидів у алелях гена *Q* мала велике значення для одомашнення пшениці. Замість довгого, ламкого і важко обмолочуваного колоса спельтоїдного типу (*Q*) з'явився колос з колосками, які легко обрушуються, і пружним стрижнем (*q*) – важливою властивістю для пшениці, що обробляється.

Біоінформаційний аналіз показав, що цей ген локалізований у хромосомі 5A, складається з промоторної і термінальної частини між якими розташовані 10 екзонів і 9 інтронів, розмір яких дещо відрізняється у різних видів пшениці.

У роботу було залучено 36 послідовностей гену *Q* різних видів пшениці. (*Tr. urartu*, 2n=14; *Tr. araraticum*, *Tr. carthlicum*, *Tr. dicoccoides*, *Tr. polonicum*, *Tr. timopheevii*, *Tr. turgidum*, 2n=28; *Tr. aestivum*, *Tr. compactum*, *Tr. macha*, *Tr. spelta*,

Tr. sphaerococcum, 2n=42). Їх розмір у різних зразків варіював від 2395 до 4958 нуклеотидів. Під час їх порівняння у програмі BLAST встановлено високий рівень ідентичності між ними, значення якого варіювало від 99,26 до 99,95 %.

Для подальшого порівняння одну з послідовностей було обрано за стандарт (AY702956.1, *Tr. aestivum*). Порівняння проводили шляхом глобального вирівнювання в програмі BioEdit. За результатами вирівнювання ідентифіковано 65 однонуклеотидних замін, які не виявляли видову специфічність, а також три інделі, один з яких розташований у 10-му екзоні та може впливати на прояв гену *Q*. Два інші інделі були локалізовані у 9-му інтроні та, ймовірно, не впливатимуть на експресію цього гена. Будь-яка із ідентифікованих нами мутацій може виявитися значущою для формування голозерних або плівчастих фенотипів, із ламким або неламким колосом. Це можна з'ясувати за умови розробки праймерів і перевірки кожної з мутацій.

У 8-му екзоні гену *Q* відмічено мутацію, яка обумовлює заміну валіну на ізолейцин у 329 позиції білка *q*. Деякі науковці зазначають, що вона призводить до зміни структури гену *Q* і проявляється у впливі на формування ознак голозерності/плівчатості і ламкості/неламкості колосу [2].

До ділянки гену *Q*, яка обумовлює появу рецесивного алеля *q* розробляли праймери. Кращою виявилася така пара праймерів: **TrQ-F** agctgttcagctgtggacgtt, **TrQ-R** gaagccatgacaagcagatgggta.

Під час ампліфікації ДНК пшениці з цими праймерами уворюється продукт довжиною 1124 нуклеотиди, який охоплює область з 6 до 9 екзону. Як місце гібридизації праймерів з ДНК пшениці обрали області гену *Q*, які характеризувалися мономорфністю для усіх залучених у дослідження видів пшениці.

Рекомендовані нами умови ампліфікації були такі: 1 цикл – денатурація ДНК – 95 °C – 5 хв.; 30 циклів: денатурація – 95 °C 30 с, відпал – 62 °C 30 с, елонгація – 72 °C 1 хв. 15 с; 1 цикл – фінальна елонгація при 72 °C 5 хв.

При ампліфікації із залученими в роботу видами пшениці було отримано чіткий продукт, що свідчило про достатню якість праймерів і можливість їх використання для вивчення внутрішньогенного поліморфізму гену *Q* у різних видів пшениць.

Для з'ясування рівня генетичної подібності та виділення груп із різними морфотипами послідовностей гена *Q* було проведено філогенетичний аналіз з використанням методу NJ. Спостерігали розподіл досліджуваних видів пшениці у три основні кластери. Проте групування не було видоспецифічним. В межах кластерів об'єднувалися різні види пшениці з різною плоїдністю. Це може свідчити про високу подібність гена *Q* в усіх видів пшениці. Водночас, можна припустити, що зразки у кожному кластері характеризуються своїм унікальним поєднанням нуклеотидів у послідовностях гену *Q* і являють собою різні алельні варіанти.

Висновок. Знайдені послідовності гену *Q* у різних видів пшениць характеризувалися високим рівнем генетичної подібності. Ідентифіковані однонуклеотидні заміни та інделі, локалізовані у екзонах, можуть впливати на фенотипічний прояв гену *Q* і за умови більш детального вивчення можуть бути

використані для роғробки молекулярно-генетичних маркерів різних алельних варіантів гена. Розроблені нами праймери до мутації в екзоні 8 можуть бути використані для подальших досліджень різних видів пшениць за цим напрямом.

Список літератури

1. Pleiotropic effects of the wheat domestication gene *Q* on yield and grain morphology / Xie Q., Li N., Yang Y. et al. / *Planta*. 2018. DOI:10.1007/s00425-018-2847-4.

Гончаров Н.П., Сормачева И.Д. Доместикация пшениц. *Природа*. 2014. 2:45-53. URL: <https://www.researchgate.net/publication/275214838>.

УДК 582.663:[577.212.3+631.671.3]

Лиманська С. В., канд. біол. наук, **Літвінова Л. В.**, здобувачка вищої освіти
Державний біотехнологічний університет
e-mail: svetlanalymanska@gmail.com

БІОІНФОРМАЦІЙНИЙ ПОШУК ГЕНІВ-КАНДИДАТІВ ПОСУХОСТІЙКОСТІ У АМАРАНТУ

Амарант є нішевою сільськогосподарською культурою, насіння та зелена маса якої використовуються у багатьох галузях народного господарства: харчовій, кормовій, лікарській, косметологічній промисловостях, як декоративна, енергетична та сидеративна рослина. Завдяки високому вмісту мікро- та макроелементів, вітамінів, збалансованого за амінокислотним складом білка і сквалена амарант використовують для виготовлення продукції дієтичного і функціонального харчування. Корма з додаванням насіння та зеленої маси амаранту позитивно впливають на ріст тварин та є ефективними для їх відгодівлі. Косметичні засоби на основі амаранту характеризуються значним впливом на зовнішній вигляд шкіри, насичуючи її киснем, а також допомагають лікувати шкірні хвороби. Завдяки зазначеним властивостям обсяги вирощування амаранту в Україні поступово збільшуються, культура набуває популярності серед споживачів.

Глобальні процеси зміни клімату є нагальною проблемою сьогодення. Зокрема аномальне потепління негативно впливає на ріст та розвиток рослин. У зв'язку з цим актуальним завданням сучасної селекції є створення посухостійких генотипів різних сільськогосподарських рослин.

Амарант за своїми біологічними особливостями є в достатній мірі посухостійкою рослиною, порівняно з іншими сільськогосподарськими культурами. Проте зміна клімату та високі температурні режими під час вегетаційного періоду можуть значно знижувати продуктивний потенціал рослини. Отже є потреба у створення посухостійких сортів амаранту.

Ведення геномної селекції за даним напрямом дозволить ефективно добирати донорів генів посухостійкості амаранту, контролювати успадкування цих генів у поколіннях та проводити паспортизацію сортів.

Метою нашого дослідження було знайти та дослідити гени-кандидати