

КОМІСАРЕНКО А. Г., МИХАЛЬСЬКА С. І.[✉], КУРЧІЙ В. М., ХРИСТАН О. О.

Інститут фізіології рослин і генетики НАН України,

Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 31/17, e-mail: mykhalskasvitlana@gmail.com

[✉] mykhalskasvitlana@gmail.com, (050) 380-65-15ГЕНЕТИЧНИЙ ТА ФІЗІОЛОГІЧНИЙ АНАЛІЗ Т1 БІОТЕХНОЛОГІЧНИХ РОСЛИН ПШЕНИЦІ ОЗИМОЇ (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

Мета. Дослідити успадкування трансгенів у першому поколінні (Т1) біотехнологічних рослин пшениці озимої (*Triticum aestivum* L.). Проаналізувати показники продуктивності Т1 генетично змінених рослин із дволанцюговим РНК-супресором гена проліндегідрогенази (*pdh*) за нормальних умов вирощування. **Методи.** ПЛР-аналіз, електрофорез ДНК; визначення показників структури врожаю. **Результати.** Проведений молекулярно-генетичний аналіз та досліджені показники продуктивності контрольних і Т1 біотехнологічних рослин. **Висновки.** У першому поколінні генетично змінених рослин пшениці озимої, отриманих у результаті *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *in planta*, підтверджений факт успадкування інтегрованих генів. Серед трансгенних варіантів ідентифіковані рослини, в яких відсутні деякі фрагменти цільового гена, необхідні для часткової супресії гена проліндегідрогенази пшениці. Встановлено, що біотехнологічні рослини пшениці озимої УК 322/17 і УК 209h характеризувалися кращими показниками структури врожаю в порівнянні з вихідною формою, тоді як генетично змінені рослини генотипів УК 95/17 і УК 065 за елементами продуктивності не відрізнялися від контрольних рослин.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., біотехнологічні рослини, Т-ДНК, ген проліндегідрогенази, показники структурного аналізу.

Стратегічною галуззю економіки держави є зерновий сектор України. Пшениця озима на сьогодні продовжує займати основне місце в рослинному виробництві. Вона є лідером у сегменті зернових як за кількістю посівних площ, так і за об'ємом отриманого врожаю. Проблема підвищення врожайності пшениці та стійкості до біотичних та абіотичних факторів зовнішнього середовища набувають неабиякої актуальності. Успіх у вирішенні цих питань головним чином залежить від ефективності генетичного поліпшення сортів пшениці, завданням якого є

таке покращення окремих показників, яке б не призводило до погіршення інших господарсько-цінних ознак [1].

Перенесення генів із заданими ознаками методом генетичної трансформації – це швидкий альтернативний шлях створення нових продуктивних форм пшениці, в тому числі і стійких до біотичних та абіотичних стресових факторів [2–4]. Введення в склад генетичних конструкцій цільових генів, що можуть сумісно підвищувати рівень стійкості та продуктивність рослин в умовах дії абіотичних стресів, дає можливість отримувати генетично змінені форми, які в подальшому можна залучати в селекційному процесі [4].

Тому метою нашої роботи було підтвердити факт успадкування інтегрованих генів у насіннєвому поколінні генетично змінених рослин пшениці озимої, отриманих у результаті *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *in planta*, з використанням векторної конструкції, яка в своєму складі містить супресор гена катаболізму проліну – амінокислоти, що може брати участь у складних інтегральних процесах адаптації/стійкості рослин до абіотичних стресів, та провести порівняльний аналіз показників продуктивності трансгенних рослин із вихідною формою.

Раніше такий спосіб був успішно апробований під час створення трансгенних рослин соняшника, кукурудзи і пшениці, які характеризувалися підвищеною стійкістю до різних осмотичних стресів, за рахунок часткової супресії генів катаболізму проліну [5–7].

Матеріали і методи

Об'єктом дослідження було Т1 генетично змінених рослин пшениці таких озимої генотипів: УК 322/17, УК 95/17, УК 065 і УК 209h. Біотехнологічні рослини отримані шляхом *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *in planta* з використанням штаму *A. tumefaciens* LBA4404, що несе бінарний вектор pVi2E з дво-

ланцюговим РНК-супресором гена проліндегідрогенази (*pdh*) *Arabidopsis thaliana*, який складається з інвертованого повтору фрагментів двох копій першого екзону та інтрону гена *pdh* (люб'язно наданий доктором біологічних наук Кочетовим О. В.). Розміщення фрагментів гена проліндегідрогенази в антисенсовій орієнтації призводить до пригнічення його експресії шляхом посттранскрипційного сайленсінгу РНК. Окрім цільового гена *pdh*, векторна конструкція містить селективний ген неоміцинфосфотрансферази *nptII* *E. coli*, який визначає стійкість до антибіотика канаміцин сульфату.

Генетичну трансформацію проводили в умовах вегетаційного дослідження в процесі запилення [8]. Селекцію генетично змінених рослин та елімінацію бактеріальних клітин здійснювали в умовах *in vitro* з використанням селективної концентрації канаміцин сульфату (100 мг/л) та бактерицидного антибіотику цефотаксима (500 мг/л). Рослини, відібрані на селективному середовищі, піддавали молекулярно-генетичному аналізу для встановлення факту успішного успадкування перенесених генів.

Для визначення показників врожайності біотехнологічні рослини Т1 вирощували у вегетаційних посудинах. Відбір зразків для структурного аналізу проводили у фазі повної стиглості

насіння [9]. Умовою вибірки дослідного матеріалу було підтвердження інтеграції трансгенів (наявність усіх фрагментів цільового гена) шляхом полімеразно-ланцюгової реакції, як описано раніше [5]. Експериментально отримані дані обробляли методами математичної статистики [10].

Результати та обговорення

У результаті *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *in planta* з використанням векторної конструкції рВі2Е, в складі якої міститься дволанцюговий РНК-супресор гена проліндегідрогенази, було отримано 766 насінин (Т0) озимої пшениці. Частота зав'язування насіння варіювала в межах від 5,6 % (УК 209h) до 21 % (УК 95/17). Раніше нами досліджувалися фактори, що можуть впливати на частоту зав'язування насіння, від якої прямо залежить ефективність трансформації в процесі запилення [8–12]. Первинний скринінг імовірних трансформантів проводили за маркерним геном.

Інтеграцію Т-ДНК досліджували за наявністю в тотальній ДНК листків пшениці гена неоміцинфосфотрансферази (*nptII*), екзону (*pdh ex1*) та інтрону (*pdh int*) гена проліндегідрогенази арабідопсису (рис. 1 А і Б, рис. 2, рис. 3 А і Б) відповідно.

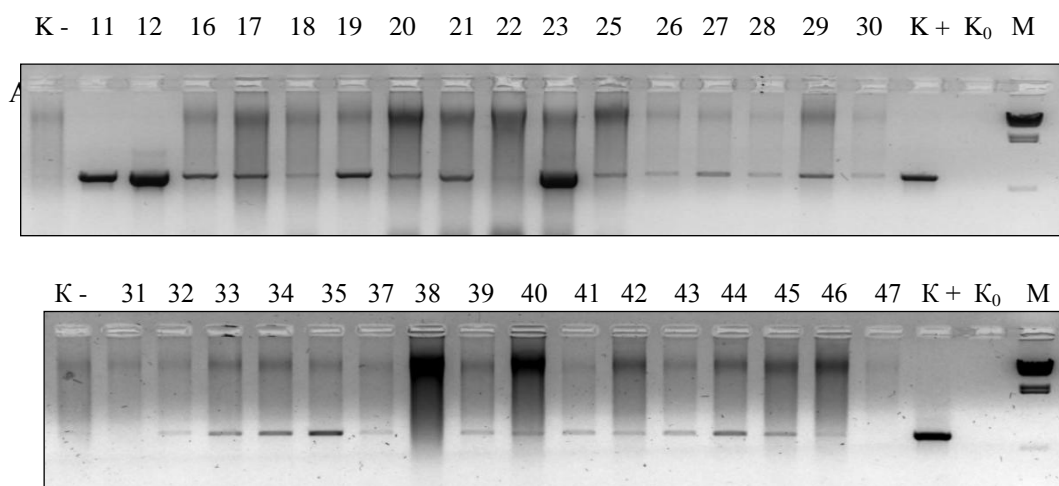


Рис. 1. А і Б. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК пшениці з праймерами на визначення гена *nptII*. Доріжки: 11–47 – зразки ДНК пшениці; К - – пшениця не трансформована; К+ – контроль позитивний LBA4404; К₀ – ТЕ буфер; М – маркер молекулярної маси DNA λ /HindIII.

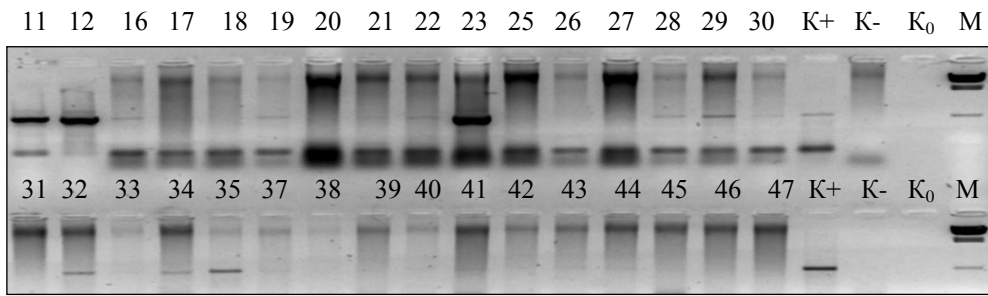


Рис. 2. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК пшениці з праймерами на визначення гена *pdh ex1* арабідопсису. Доріжки: 11–47 – зразки ДНК пшениці; K+ – контроль позитивний *LBA4404*; K- – пшениця не трансформована; K₀ – ТЕ буфер; М – маркер молекулярної маси DNA λ /HindIII.

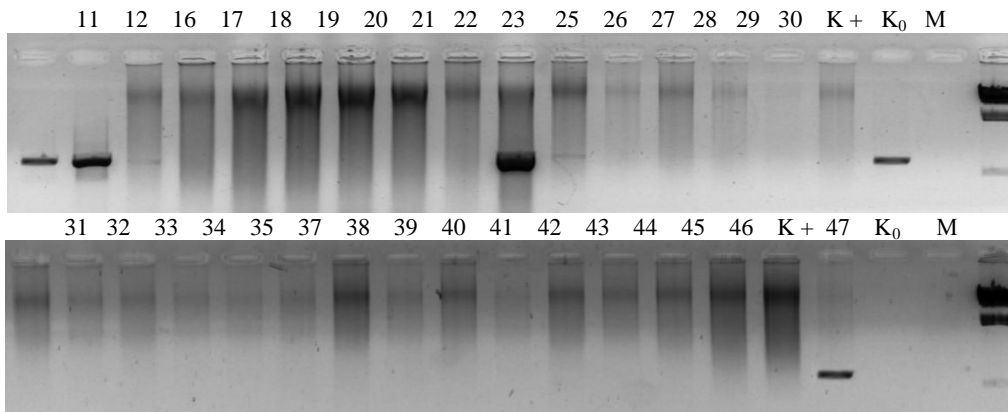


Рис. 3. А і Б. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК пшениці з праймерами на визначення гена *pdh int* арабідопсису. Доріжки: 11–47 – зразки ДНК пшениці; K+ – контроль позитивний *LBA4404*; K₀ – ТЕ буфер; М – маркер молекулярної маси DNA λ /HindIII.

ПЛР-аналіз показав високий відсоток наявності в ДНК біотехнологічних рослин пшениці маркерного гена *nptII*, при цьому в деяких зразках не було зафіксовано фрагмента цільового гена першого екзону проліндегідрогенази арабідопсису. Щодо ідентифікації інтрону гена *pdh* арабідопсису, то були виявлені поодинокі випадки. Загалом за високого рівня інтеграції селективного гена наявність у геномі пшениці цільового гена спостерігалася із меншою частотою.

У попередніх наших дослідженнях також були ідентифіковані варіанти генетично змінених рослин пшениці озимої з неповним вбудуванням векторної конструкції. Зокрема, в біотехнологічних рослинах сорту Фаворитка наявність усіх елементів цільового гена була виявлена у 2 % досліджуваних рослин, хоча маркерний ген – у 9 %. У генетично модифікованих рослин сорту Володарка варіанти з повним вбудуванням векторної конструкції складали 1 %, тоді як з геном *nptII* – 6 %.

Слід зазначити, що негативний результат за аналізом *pdh ex1* та *pdh int* гена проліндегідрогенази арабідопсису був помічений за *Agrobacterium*-опосередкованою трансформацією деяких генотипів соняшника [5]. Частота трансформації *Nicotiana tabacum* L. *in vitro* з повним вбудуванням генетичної конструкції *LBA4404* рВі2Е становила 78 % [13]. Багато дослідників також зосереджують увагу на такій негативній події за генетичної трансформації пшениці з використанням іншої векторної конструкції [14, 15]. У більшості випадків елімінація послідовностей Т-ДНК спостерігається від середини до її кінця. Тому нестабільність перенесення рекомбінантних молекул – характерне явище під час трансгенезу, яке в подальшому може стати джерелом мутаційних змін генетично змінених рослин і проявитися в наступних поколіннях.

Оскільки кожна подія трансгенезу унікальна, вона потребує індивідуального дослідження для можливості прогнозування подальшої експресії трансгена. У нашому випадку по-

еднання функціональності перенесеного гена з показниками продуктивності, яка є основною ознакою, що характеризує господарську цінність сорту, може бути результатом успішної трансформації.

Для визначення господарської продуктивності генотипів пшениці проводили порівняльний аналіз показників структури врожаю першого покоління біотехнологічних рослин із вихідною формою за нормальних умов вирощування (табл.).

Як видно із даних, представлених у таблиці, лідером серед генетично змінених рослин за основними показниками продуктивності є УК 209h. Біотехнологічні рослини цього генотипу мали перевагу в таких показниках структури врожаю: ККГК, МЗГК та МЗР. Так, маса зерна з головного колоса перевищувала контроль в 1,3 раза, а різниця у масі зерна з рослини складала 1,7 грама на користь трансгенних варіантів. Слід відзначити і генетично змінені рослини генотипу УК 322/17, які також характеризувалися кращою продуктивністю, про що свідчить ряд елементів структури врожаю, зокрема МЗГК та МЗР.

Порівняльний аналіз трансгенних рослин генотипу УК 065 з вихідною формою показав, що хоча маса зерна з головного колоса перших була меншою, проте МЗР була вищою на 0,8 г, що є наслідком продуктивності додаткових (бокових) пагонів. Так, багатьма експериментальними даними доведено, що позитивно вплива-

ють на врожайність не тільки бокові продуктивні пагони, а й ті, які навіть не утворюють зерна і є тимчасовими конкурентами в боротьбі за поживні речовини, світло та вологу, оскільки вони формують додаткову кореневу систему, що після їх відмирання працює на рослину. Завдяки їм також зростає асиміляційний апарат, який нагромаджує більше пластичних речовин, що пізніше переміщуються у колосоносні стебла і підвищують їхню продуктивність [16]. Проте перевага в масі тисячі зерен, що є результатом кращої виповненості зерна, була на боці вихідної форми.

Щодо аналізу елементів продуктивності біотехнологічних і контрольних рослин генотипу УК 95/17, то вони не мали достовірної різниці. Також слід відмітити, що для всіх досліджуваних варіантів коефіцієнт господарської продуктивності, показник відношення зерна до всієї надземної маси (КП), коливався в межах 0,43–0,48, хоча (за рекомендаціямиселекційних програм для пшениці) він має бути не меншим від 0,40.

Отже, порівняльний аналіз показників продуктивності контрольних і генетично змінених рослин пшениці озимої з дволанцюговим РНК-супресором гена проліндегідрогенази показав, що за нормальних умов вирощування вони мали сходні показники структури врожаю, хоча реакція генотипів була неоднозначною.

Таблиця. Структурний аналіз врожаю контрольних і першого покоління генетично змінених (з дволанцюговим РНК-супресором гена проліндегідрогенази) рослин пшениці озимої

| Генотип | УК 322/17 | | УК 95/17 | | УК 209h | | УК 065 | |
|---------|------------|----------|------------|----------|------------|----------|------------|----------|
| | Конт- роль | Т1 | Конт- роль | Т1 | Конт- роль | Т1 | Конт- роль | Т1 |
| ВР | 85,3±2,1 | 93,3±0,9 | 76,6±1,5 | 73,3±2,8 | 94,0±2,5 | 91,3±0,6 | 75,0±2,1 | 80,6±1,0 |
| ККГК | 16,0 ±0,6 | 18,3±0,3 | 16,3±1,2 | 16,6±0,7 | 15,8±0,8 | 19,3±0,3 | 17,6±0,3 | 18,6±0,8 |
| КЗГК | 47,3±6,0 | 57,6±3,5 | 48,3±2,0 | 44,0±3,0 | 42,3±4,9 | 53,0±0,1 | 55,6±1,4 | 50,0±2,7 |
| МЗГК | 1,4±0,2 | 1,7±0,6 | 1,2±0,1 | 1,2±0,2 | 1,3±0,3 | 1,7±0,1 | 1,9±0,08 | 1,6±0,1 |
| МЗР | 3,1±0,2 | 3,8±0,4 | 3,5±0,2 | 3,1±0,5 | 4,3±0,4 | 6,0±0,3 | 4,0±0,4 | 4,8±0,5 |
| МТЗ | 23,7±2,8 | 25,5±2,3 | 22,6±0,1 | 22,6±1,8 | 29,3±5,3 | 25,6±2,1 | 31,3±2,8 | 27,6±2,0 |
| КП | 0,43 | 0,45 | 0,44 | 0,44 | 0,46 | 0,47 | 0,47 | 0,48 |

Примітки: ВР (см) – висота рослини (головного колоса); ККГК (шт.) – кількість колосків у головному колосі; КЗГК (шт.) – кількість зерен у головному колосі; МЗГК (г) – маса зерна з головного колоса; МЗР (г) – маса зерна з рослини; МТЗ (г) – маса тисячі зерен; КП – коефіцієнт господарської продуктивності.

Таким чином, технологія генетичної трансформації має перспективи для покращення цінних ознак важливих сільськогосподарських культур. Перенесення генів із заданими ознаками методом генетичної трансформації – це швидкий альтернативний шлях створення нових продуктивних форм пшениці, в тому числі і стійких до біотичних та абіотичних стресових факторів.

Висновки

Встановлено, що за *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *Triticum aestivum* L. *in planta* з використанням штаму LBA4404, що містить плазмиду рВі2Е з дволанцюговим РНК-супресором гена проліндегідрогенази, можлива інтеграція в геном рослин як

повної, так і неповної копії Т-ДНК. Серед трансгенних варіантів ідентифіковані рослини, в яких відсутні деякі фрагменти цільового гена, в результаті чого не відбувається супресія гена проліндегідрогенази. З'ясовано, що трансгенні рослини не відрізнялися від контрольних за строками розвитку, проте спостерігалася генотипова відмінність у показниках продуктивності. Доведено, що за нормальних умов вирощування біотехнологічні рослини Т1 пшениці озимої УК 322/17 і УК 209h характеризувалися кращими показниками структури врожаю в порівнянні з вихідною формою, тоді як генетично змінені рослини генотипів УК 95/17 і УК 065 за елементами продуктивності не відрізнялися від контрольних рослин.

References

1. Morgun V.V., Schwartau V.V., Kiriziy D.A. Physiological basis for obtain high yields wheat. *Fiziologiya i biokhimiya kult. rastenii*. 2008. T. 40, № 6. P. 463–479. [in Ukrainian] / Моргун В.В., Швартау В.В., Кірізій Д.А. Фізіологічні основи отримання високих врожаїв пшениці. *Фізіологія і біохімія культурних рослин*. 2008. Т. 40, № 6. С. 463–479.
2. Budak H., Hussain B., Khan Z., Ozturk N. Z., Ullah N. From Genetics to Functional Genomics: Improvement in Drought Signaling and Tolerance in Wheat <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.01012>.
3. Sergeeva L.E., Mykhalska S.I., Komisarenko A.G. Modern biotechnologies for increasing plant resistance to osmotic stresses. Kyiv: Kondor, 2019. 160 s. [in Russian] / Сергеева Л.Е., Михальская С.И., Комисаренко А.Г. Современные биотехнологии повышения устойчивости растений к осмотическим стрессам. К.: Кондор, 2019. 161 с.
4. Morgun B.V., Tishchenko E.N. Molecular biotechnology to improve the resistance of cultivated cereals to osmotic stress. Kyiv: Logos, 2014. 219 s. [in Russian] / Моргун Б.В., Тищенко Е.Н. Молекулярные биотехнологии по повышению устойчивости культурных злаков к осмотическим стрессам. К.: Логос, 2014. 219 с.
5. Tishchenko, E.N., Komisarenko, A.G., Mykhalskaya, S.I., Sergeeva, L.E., Adamenko, N.I., Morgun, B.V., Kochetov, A.V. *Agrobacterium*-mediated transformation of sunflower (*Helianthus annuus* L.) *in vitro* and *in planta* using strain LBA4404 carrying the рВі2Е plasmid with a double-stranded RNA suppressor of the proline dehydrogenase gene. *Tsitologiya i genetika*. 2014. T. 48, № 4. P. 19–30. [in Russian] / Тищенко Е.Н., Комисаренко А.Г., Михальская С.И., Сергеева Л.Е., Адаменко Н.И., Моргун Б.В., Кочетов А.В. *Agrobacterium*-опосредованная трансформация подсолнечника (*Helianthus annuus* L.) *in vitro* и *in planta* с использованием штамма LBA4404, несущего плазмиду рВі2Е с двухцепочечным РНК-супресором гена пролиндегидрогеназы. *Цитология и генетика*. 2014. Т. 48, № 4. С. 19–30.
6. Mykhalska S.I., Komisarenko A.G., Kurchii V.M., Obtaining biotech plants with increased resistance to stress. *Climate change and agriculture: challenges for science and education*. Book of abstracts of international scientific and practical conference with the support of the FAO. Kyiv, 2018. P. 453–457. [in Ukrainian] / Михальська С.І., Комісаренко А.Г., Курчій В.М. Отримання біотехнологічних рослин з підвищеною стійкістю до стресів. *Кліматичні зміни та сільськогосподарські виклики для аграрної науки та освіти*: тези науково-практичної конференції за участю ФАО. К., 2018. С. 453–457.
7. Voronova S.S., Dubrovna O.V. Determination of osmotolerance of bread wheat plants (*Triticum aestivum* L.), carrying dsRNA-suppressor of prolinedehydrogenase gene. *Fakty eksperyment. evolyutsiyi orhanizmv*. 2017. T. 20. P. 168–172. [in Ukrainian] / Воронова С.С., Дубровна О.В. Визначення осмотолерантності рослин м'якої пшениці (*Triticum aestivum* L.), що містять дволанцюговий РНК-супресор гена проліндегідрогенази. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2017. Т. 20. С. 168–172.
8. Mykhalska S.I., Komisarenko A.G., Tishchenko O.M. Development of methods of wheat *Agrobacterium*-mediated transformation. *Fakty eksperyment. evolyutsiyi orhanizmv*. 2015. T. 17. P. 213–216. [in Ukrainian] / Михальська С.І., Комісаренко А.Г., Тищенко О.М. Розробка методів *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації пшениці. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2015. Т. 17. С. 213–216.
9. Likhochvor V.V. Structure of winter wheat crop. Lviv: Ukrainski tekhnologii, 1999. 200 s. [in Ukrainian] / Лихочвор В.В. Структура врожаю озимої пшениці. Львів: Українські технології, 1999. 200 с.
10. Dospikhov B.A. Methods of field experiment. Moscow: Agropromizdat, 1985. 351 s. [in Russian] / Доспехов Б.А. Методика полевого опыта. М.: Агропромиздат, 1985. 351 с.
11. Mykhalska S.I., Komisarenko A.G., Kurchii V.M., Tishchenko O.M. Genetic transformation *in planta* of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Fakty eksperyment. evolyutsiyi orhanizmv*. 2018. T. 22. P. 293–298. [in Ukrainian] / Михальська С.І., Комісаренко А.Г., Курчій В.М., Тищенко О.М. Генетична трансформація *in planta* пшениці озимої (*Triticum aestivum* L.). *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2018. Т. 22. С. 293–298.

12. Komisarenko A.G. Obtaining genetically modified winter wheat plants (*Triticum aestivum* L.) by *Agrobacterium*-mediated transformation *in planta*. *Breeding and Genetic Science and Education: tezisy dokladov nauchn. konf.* (Uman, March 18–20, 2019). Uman: publisher “M. Sochinsky”, 2019. С. 93–96. [in Ukrainian] / Комісаренко А.Г. Отримання генетично змінених рослин пшениці озимої (*Triticum aestivum* L.) способом *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації *in planta*: матеріали VIII Міжнародної наукової конференції «Селекційно-генетична наука і освіта» (Парієві читання 18–20 березня 2019). Умань: видавець «Сочінський М.М.», 2019. С. 93–96.
13. Komisarenko A.G., Mykhalska S.I., Khrystan O.O. The frequency of T-DNA integration during the genetic transformation of tobacco (*Nicotia tabacum* L.). *Faktory ekspery. evolyutsiyi orhanizmiv*. 2018. Т. 22. Р. 262–266. [in Ukrainian] / Комісаренко А.Г., Михальська С.І., Христан О.О. Частота інтеграції Т-ДНК за генетичної трансформації тютюну (*Nicotiana tabacum* L.). *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2018. Т. 22. С. 262–266.
14. Stepanova A.Yu., Tereshok D.V., Osipova E.S., Gladkov A.E., Dolgih Yu.I. Production of transgenic wheat plants (*Triticum aestivum* L.) by agrobacterial transformation. *Biotechnologia*. 2006. № 2. Р. 20–27. [in Russian] / Степанова А.Ю., Терешок Д.В., Осипова Е.С., Гладков А.Е., Долгих Ю.И. Получение трансгенных растений пшеницы (*Triticum aestivum* L.) методом агробактериальной трансформации. *Биотехнология*. 2006. № 2. С. 20–27.
15. Gorbatyuk I.R. Optimization of *Agrobacterium*-mediated biotechnology of the transformation of *Triticum aestivum* in culture *in vitro* and *in planta* method: dyss. ... cand. biol. nauk. Kyiv, 2016. 192 p. [in Ukrainian] / Горбатюк І.Р. Оптимізація *Agrobacterium*-опосередкованої біотехнології трансформації *Triticum aestivum* в культурі *in vitro* та методом *in planta*: дис. ... канд. біол. наук. К., 2016. 192 с.
16. Lykhochvor V.V. The role of winter wheat tillage in increasing plant productivity. *Visnyk ahraryoi nauky*. 2001. № 7. Р. 20–22. [in Ukrainian] / Лихочвор В.В. Роль кушення пшениці озимої у підвищенні продуктивності рослин. *Вісник аграрної науки*. 2001. № 7. С. 20–22.

KOMISARENKO A.G., MYKHALSKA S.I., KURCHII V.M., KHRYSTAN O.O.

Institute of Plant Physiology and Genetics of National Academy of Sciences of Ukraine, Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylykivska str., 31/17, e-mail: mykhalskasvitlana@gmail.com

GENETIC AND PHYSIOLOGICAL ANALYSIS T1 BIOTECHNOLOGICAL PLANTS OF WINTER WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

Aim. To investigate inheritance of transgenes in the first generation (T1) of winter wheat biotechnological plants (*Triticum aestivum* L.). Analyze the performance of T1 genetically modified plants with a double stranded RNA suppressor of the proline dehydrogenase (*pdh*) gene under normal growing conditions. **Methods.** PCR analysis, DNA electrophoresis; determination of indicators of the structure of the crop. **Results.** Molecular genetic analysis was performed and the performance indicators of control and T1 biotechnological plants were investigated. **Conclusions.** The first generation of genetically modified winter wheat plants resulting from *Agrobacterium*-mediated transformation *in planta* confirmed the inheritance of integrated genes. Among the transgenic variants identified plants that lack some fragments of the target gene required for partial suppression of the gene of proline dehydrogenase wheat. It is shown that at the optimal terms of growing biotechnological plants of wheat winter-annual of UK 322/17 and UK 209 h was characterized by the best indexes of structure of harvest as compared to an initial form, while the genetically changed plants of genotypes of UK 95/17 and UK 065 after the elements of the productivity did not differ from control plants.

Keywords: *Triticum aestivum* L., biotechnological plants, T-DNA, proline dehydrogenase gene, structural analysis indicators.