

ЗАДОРЖНА О. А.

Інститут рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН,

Україна, 61060, м. Харків, просп. Героїв Харкова, 142, ORCID: 0000-0002-4424-0482, olzador@ukr.net

ПРОБЛЕМИ ТА ПЕРСПЕКТИВИ СТВОРЕННЯ ГЕНЕТИЧНИХ КОЛЕКЦІЙ ЗЕРНОВИХ КУЛЬТУР

Мета. Проаналізувати стан генетичних колекцій зернових культур, зареєстрованих у НЦГРРУ, визначити проблеми і перспективи їх подальшого створення. **Методи.** Аналіз стану генетичних колекцій проводився за допомогою морфологічного аналізу та аналізу літературних джерел. Визначено перспективність молекулярних методів досліджень, включаючи ідентифікацію окремих генів та картування QTL. **Результати.** Серед усіх зареєстрованих типів колекцій зернових генетичні склали 5 %. Водночас з методом аналізу генів за фенотипним проявом описано аналіз та визначення за допомогою молекулярних маркерів окремих генів та локусів кількісних ознак, картування та функціональний аналіз окремих генів. **Висновки.** Для створення сучасних генетичних колекцій зернових культур слід, водночас з традиційними методами ідентифікації генів, застосовувати сучасні молекулярні підходи та аналіз сучасних наукових джерел.

Ключові слова: ген, колекція, ознака, зернові, локус.

Сучасна селекція рослин широко використовує різноманітність генетичних ресурсів рослин, яке структурується згідно з поставленими завданнями. Цінний матеріал, який є носієм як окремих важливих генів, так і генних комплексів, на основі відомих даних по генетичному картуванню та функціональному аналізу окремих генів дозволяє створити нові селекційні форми у значно коротші строки [1–3]. При аналізі різноманітності генетичних ресурсів рослин можуть створюватись колекції генофонду з відповідною метою подальшого використання в селекції.

У Національному центрі генетичних ресурсів рослин (НЦГРРУ) відбувається реєстрація колекцій генетичної різноманітності культурних рослин. Згідно з Положенням про Реєстрацію колекцій [4] розрізняють базові, серцевинні, ознакові, генетичні, спеціальні, робочі, навчальні та дублетні колекції. Генетичні колекції мі-

стять зразки з ідентифікованими генами або генними комплексами, прояв та успадкування яких відомі. Зараз у НЦГРРУ зареєстровано 340 колекцій, що включають зернові колосові (18 %), зернобобові (13 %), круп'яні (10 %), технічні (9 %), кормові (8 %), кукурудзу (8 %), олійні (6 %), овочеві та баштанні культури (6 %), картоплю (2 %), плодові, ягідні та горіхоплідні (16 %), лікарські (2 %), декоративні (1 %). Зернові культури, включаючи кукурудзу, складають таким чином більше ніж 25 % від усіх зареєстрованих колекцій. Генетичні колекції серед усіх зареєстрованих складають лише 3,5 %. Вони включають генетичну колекцію пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.) [5], пшениці м'якої ярої (*Triticum aestivum* L.) [6], егілопса (*Aegilops biuncialis* Vis.) [7], ячменю звичайного ярого (*Hordeum vulgare* L.) [8], кукурудзи (*Zea mays* L.) [9] та ін.

Метою даної роботи було з'ясувати стан генетичних колекцій у НЦГРРУ найбільш поширених зернових: пшениці та кукурудзи, визначити подану різноманітність, яку вони охоплюють та обговорити перспективи подальшого створення колекцій для вирішення задач селекції.

Матеріали і методи

Аналіз стану генетичних колекцій проводився за допомогою морфологічного аналізу та аналізу літературних джерел. Визначено перспективність молекулярних методів досліджень, включаючи ідентифікацію окремих генів та картування QTL.

Результати та обговорення

За результатами аналізу встановлено, що серед зареєстрованих колекцій досліджених зернових 43 % становлять ознакові, 33 % – робочі, а генетичні лише 5 % (рис.). Ознакові колекції містять зразки, підібрані за певним рівнем фенотипового прояву окремих ознак або їх поєднань, робочі колекції містять джерела та

донори ознак рослин, які підбирають відповідно до конкретних умов і напрямів селекції [4].

В існуючих зареєстрованих у Національному центрі генетичних ресурсів рослин генетичних колекціях висвітлені гени стійкості до біотичних чинників та окремих морфологічних ознак. Генетична колекція пшениці м'якої озимої [5] включає зразки, що мають гени стійкості до борошнистої роси (*Erysiphe graminis* DC. f. *tritici* Em. Marchal) *Pm*, бурої листової іржі (*Puccinia tritica* Eriks.) *Lr*, стеблової іржі (*Puccinia graminis* Pers. f. *tritici* Eriks. et Henn.) *Sr*, септоріозу листя (*Septoria graminum* Desm.) *Stb*, жовтої іржі (*Puccinia striiformis* Wesst) *Yr*, церкоспорельозної кореневої гнилі (*Cercospora hepatochloides* Fron.) *Pch*, гельмінтоспоріозної кореневої гнилі (*Cochliobolus sativus* Drechsler ex Dastur.) *Crr*, гесенської мухи (*Mayetiola destructor*) *H*, звичайної злакової попелиці (*Schizaphis graminum* Rond.) *Gb2*, ячмінної попелиці (*Brachycolus noxius* Mordv.) *Dn4*, помаранчевої злакової галиці (*Sitodiplosis mosselana* Géhin) *Sm1*, стійкості до вівсяної нематоди (*Heterodera avenae* Wollenweber) *Cre1*.

У цій колекції не значаться носії таких важливих генів як стійкість до снігової плісняви/фузаріозу сходів (*Microdochium nivale* (Fr.) Samuels & I.C. Hallett. / *Fusarium nivale* (Fr.) Ges.). Для ідентифікації локусів кількісних ознак (QTL) стійкості до снігової плісняви можна використати карту зчеплення, побудовану за

допомогою маркерів DArT та SSR. Окремі основні QTLs для стійкості до снігової плісняви, спричиненої *M. nivale*, були знайдені на хромосомі 2BS. Загальна фенотипна варіація, що припадає на окремі QTL, коливається до 57,7 %. Інший QTL, що забезпечує стійкість до снігової плісняви, був виявлений на хромосомі 6B і становив 20,7 % загальної фенотипної дисперсії. Автори вважають, що урахуваючи кількість QTL що контролюють стійкість до снігової плісняви, спричинених *Microdochium majus* і *M. nivale*, відрізняються і, ймовірно, є видоспецифічними, що дозволяє припустити, що поліпшення стійкості до хвороб фузаріозного комплексу може бути досягнуто шляхом об'єднання їх ефектів за допомогою селекції культур [10]. Кількість виявлених QTL, що контролюють стійкість зразків пшениці до снігової плісняви поступово збільшується [1].

У зареєстрованій колекції відсутня також інформація про гени стійкості до твердої сажки *Tilletia caries* Tul. (*Tilletia tritici* (Bjerk.) G. Winter), що знаходяться і в QTL, які можна виявляти за допомогою маркерів [2]. Досить обмежена інформація поки щодо піренофорозу/жовтої плямистості (*Pyrenophora tritici-repentis* (Died.) Drechsler), що є найбільш поширеною на Великих рівнинах США. Дослідники поки шукають нові джерела стійкості до *P. tritici-repentis* [11].

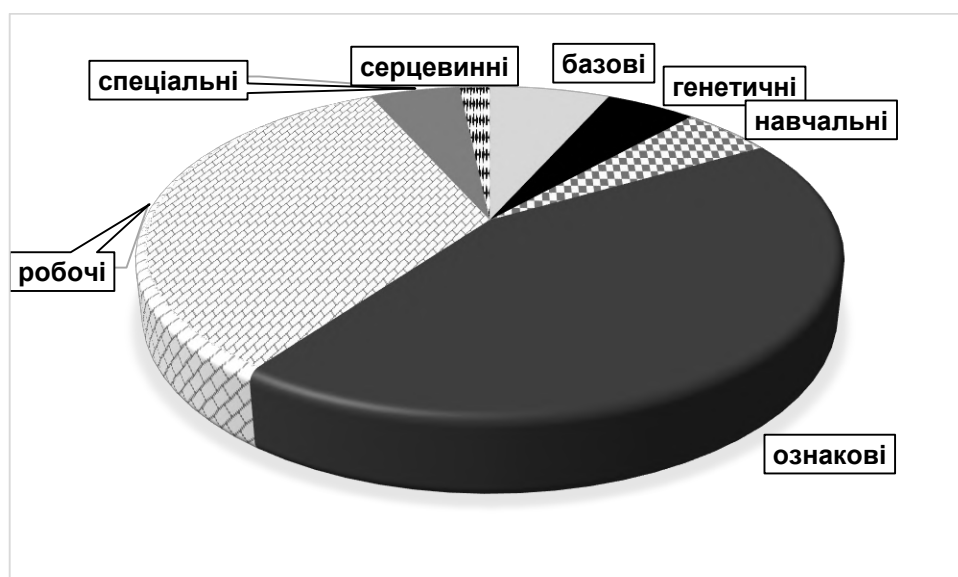


Рис. Типи колекцій основних зернових культур, зареєстрованих у НЦГРРУ.

Водночас з багатьма генами стійкості до біотичних чинників, велика увага повинна приділятися генам, які контролюють морфологічні та цінні господарські ознаки рослин пшениці: висоту рослин, довжину колоса, щільність колоса, забарвлення колоса, остюкуватість, опушення листової пластинки, наявність воскової осуги на листі, стійкість проти вилягання, масу 1000 зернин, масу зерна з колоса, твердість зерна, вміст білка в зерні, вміст клейковини, каротиноїдів, силу борошна, об'ємний вихід хліба, хлібопекарську оцінку, а також морозостійкість, посухостійкість тощо. Більшість із цих ознак контролюються полігенно, тому виявлення необхідних генів та їх картування мають певні складнощі. Поступово прогресує ідентифікація окремих генів та їх функціональний аналіз.

Ідентифікували та схарактеризували раніше невідомий ген, що контролює висоту рослин пшениці і назвали його *PLATZ1*. Мутації в *PLATZ1* зменшують висоту рослин, тоді як його надмірна експресія призводить до формування більш високих рослин. Дія *PLATZ1* проявляється головним чином у подовженні стебла, розвитку колосків і демонструє значний вплив на висоту рослин із взаємодією з геном карликовості «зеленої революції» *REDUCED HEIGHT 1 (RHT1)* [3]. Гени висоти рослин визначають стійкість до вилягання і тісно пов'язані зі стабільністю врожайності пшениці. Визначено ген *Rht1*, що відповідає за карликовість рослин і зменшену масу зерна, проте не має суттєвого впливу на інші компоненти врожайності [12]. Ідентифіковано інші гени висоти рослини і компактності колоса, що є важливими агрономічними ознаками і впливають на підвищення врожайності пшениці. Тому ідентифікація локусів або генів, відповідальних за ці ознаки, має велике значення для селекції пшениці, зокрема за допомогою маркерів [13].

Постійно ведеться пошук нових джерел генів, що контролюють вміст білка в зерні пшениці [14].

Генетична колекція пшениці м'якої ярої [6] включає зразки, що мають гени стійкості до борошнистої роси *Pm*, бурі листової іржі *Lr*, стеблової бурі іржі *Sr*, жовтої іржі *Yr*, летючої сажки (*Ustilago tritici* Pers.) *Ut*, некротрофних патогенів (збудників септоріозу та піренофорозу): *Tsn*, *Snn*. Створення генетичних колекцій цієї культури з носіями генів стійкості до інших хвороб, генами якості зерна та стійкості до абіотичних чинників потребує подальших пошуків.

Створення генетичної колекції егілопса (*Aegilops biuncialis* Vis.) за алелями локусів запасних білків дозволила згрупувати зразки за локусами високомолекулярних глютенінів і гліадинів: *Glu-Ul*, *Glu-Mbl*, *Gli-Ul*, *Gli-Mbl*. [7]

Зареєстрована генетична колекція кукурудзи (*Zea mays* L.) [9] включає зразки з різними ідентифікованими генами: amylose extender (*ae*), brown mid rib (*bm1-bm4*), brittle endosperm (*bt1*), bolivian male sterility B (*cmsB*), cytoplasmic male sterility C (*cmsC*), cytoplasmic male sterility S (*cmsS*), cytoplasmic male sterility T (*cmsT*), floury endosperm (*fl1*), gametophyte factor (*Ga-S*), glossy (*gl*), resistance to *Helminthosporium turcicum*, liguleless (*lg*), opaque endosperm (*o1*, *o2*), restorer of fertility (*Rf*), sugary enhancer (*se*), shrunken endosperm (*sh1*), shrunken endosperm (*sh2*), sugary endosperm (*su1*), (*su2*), vestigial glumes (*Vg*), tunicate (*Tu1*), waxy endosperm (*wx*).

Безумовно існує потреба в ідентифікації генів, що контролюють стійкість зразків кукурудзи до пухирчастої сажки (*Ustilago zeae* (Beckm) Unger.), летючої сажки (*Sphacelotheca reiliana* (Kuhn) G.P. Clinton), фузаріозної стеблової гнилі (*Giberella fujikuroi* (Sawada) Ito et Kimura/*Fusarium moniliforme* Sheld.), борої плямистості, або гельмінтоспоріоз *Cochliobolus heterostrophus* (Drechs.) Drechsler, кореневої та стеблової гнилі (*Gibberella avenacea* Cook/*Fusarium avenaceum* (Fr.) Sacc), іржі *Puccinia sorghi* Schw, стеблового, або кукурудзяного метелика (*Pyrausta nubilalis* Hb).

Можливо, це пов'язано з особливостями будови клітинної стінки, хоч механізм стійкості вивчений недостатньо. Особливості стійкості можуть бути пов'язані з різним вмістом целюлози, геміцелюлози, пектину та лігніну, а також активністю пектинметилестерази [15]. Виділені трансгенні рослини з окремими генами стійкості [16]. Картовані QTL-стійкості до летючої сажки, яка є руйнівною загрозою для виробництва кукурудзи [17]. Нещодавно було досягнуто значного прогресу в розшифруванні генетичної основи стійкості кукурудзи до хвороб. Підвищення стійкості до хвороб тепер можна досліджувати на молекулярному рівні – від селекції за допомогою маркерів до геномної селекції, техніки трансгенезу та редагування геному. Зважаючи на постійне накопичення клонованих генів стійкості, поглиблене розуміння механізмів їхньої стійкості, швидкий прогрес біотехнологій, очікується, що широкомасштабне комерційне застосування молекулярної селекції стій-

ких сортів кукурудзи незабаром стане реальністю [18].

Крім стійкості до біотичних чинників, генетичного вивчення потребують морфологічні ознаки та ознаки якості зерна. Зокрема, найбільш важливі ознаки це: розташування качана, кількість зернин на качані, кількість рядів, висота рослини, стійкість до вилягання тощо.

Стійкість до вилягання кукурудзи визначається полігенами. З метою їх визначення картовано QTL та проведено дослідження асоціацій у всьому геномі/genome-wide association study (GWAS), що дозволяє шукати потенційні генні ресурси [19].

Визначення морфологічних ознак качанів кукурудзи відіграє вирішальну роль у виведенні нових сортів та підвищенні врожайності і контролюється багатьма генами. Водночас з традиційними ознаками качана, включаючи розмір, форму, кількість і колір, були отримані зараз застосовується високопродуктивний метод і система фенотипових вимірювань. Виявлено значні кореляції між цими ознаками, особливо між новою ознакою – формою качана та традиційними ознаками: кількістю зернин у рядку, зернин у качані. Тести попарного порівняння показали, що інбредні лінії тропічної-субтропічної субпопуляції суттєво відрізнялися від інших субпопуляцій за кількістю рядків у качані, кількістю зернин у качані та кольором качана [20].

Довжина качана, яка контролюється QTL, є важливим компонентом урожайності зерна та

ключовою цільовою ознакою у селекції кукурудзи. Окремі QTL довжини качана було клоновано, але їх молекулярні механізми дії переважно поки невідомі [21].

Вивчення генетичної основи фенотипної пластичності ознак качана кукурудзи має вирішальне значення для досягнення стабільного врожаю в умовах зміни клімату з урахуванням його непередбачуваних наслідків. Для проведення генетичних польових досліджень кукурудзи існує швидка, надійна та автоматизована система для фенотипування великої кількості зразків. Зокрема, існує автоматизована система MAIZTRO – для фенотипування качанів кукурудзи, високопродуктивних вимірювань у польових умовах [22].

Висновки

Таким чином, на сучасному етапі розвитку генетичних досліджень, водночас з методом аналізу генів за фенотипним проявом проводиться аналіз та визначення за допомогою молекулярних маркерів окремих генів та локусів кількісних ознак, картування та функціональний аналіз окремих генів. Проводяться спроби аналізу фенотипу за допомогою автоматичних систем. Для створення сучасних генетичних колекцій зернових культур слід водночас з традиційними методами ідентифікації генів застосовувати сучасні молекулярні підходи або критичний аналіз сучасних наукових джерел.

References

1. Zhang M., Jiang P., Wu Q., Han X., Man J., Sun J., Liang J., Chen J., Zhao Q., Guo Y., An Y., Jia H., Li S., Xu Y. Identification of candidate genes for *Fusarium* head blight resistance from QTLs using RIL population in wheat. *Plant Mol. Biol.* 2024. Vol. 114. 62. <https://doi.org/10.1007/s11103-024-01462-9>.
2. Singh A., Knox R. E., DePauw R. M., Singh A. K., Cuthbert R. D., Kumar S., Campbell H. L. Genetic mapping of common bunt resistance and plant height QTL in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 2016. Vol. 129 (2). P. 243–256. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2624-8>.
3. Zhang J., Li C., Zhang W., Zhang X., Mo Y., Tranquilli G. E., Vanzetti L. S., Dubcovsky J. Wheat plant height locus *RHT25* encodes a PLATZ transcription factor that interacts with DELLA (RHT1). *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 2023. Vol. 120 (19). 300203120. <https://doi.org/10.1073/pnas.2300203120>.
4. Regulations on registration of plant gene pool collections at the national centre of plant genetic resources of Ukraine. Kharkiv, 2012. 23 p. [in Ukrainian]
5. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetični Resursi Roslin.* 2015. № 17. P. 122. [in Ukrainian]
6. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetični Resursi Roslin.* 2023. № 32. C. 83. [in Ukrainian]
7. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetični Resursi Roslin.* 2018. № 23. P. 144. [in Ukrainian]
8. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetični Resursi Roslin.* 2016. № 19. P. 158. [in Ukrainian]
9. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetični Resursi Roslin.* 2013. № 12. P. 138–139. [in Ukrainian]
10. Ren R., Foulkes J., Mayes S., Yang X., Ray R. V. Identification of novel quantitative trait loci for resistance to *Fusarium* seedling blight caused by *Microdochium majus* and *M. nivale* in wheat. *Field Crops Research.* 2016. Vol. 191. P. 1–12. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2016.03.011>.
11. Singh S., Bockus W. W., Sharma I., Bowden R. L. A novel source of resistance in wheat to *Pyrenophora tritici-repentis* race 1. *Plant Disease.* 2008. Vol. 92. P. 91–95. <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-1-0091>.

12. Zhou X., Wang Q., Guo H., Xie Y., Zhao L., Gu J., Li H., Zhao S., Ding Y., Guo J., Xiong H., Liu L. Identification of *Rht1* for plant height reduction in two wheat mutants and the effects on yield components. *Journal of Plant Physiology*. 2025. Vol. 305. 154420. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2025.154420>.
13. Zhou C., Xiong H., Fu M., Guo H., Zhao L., Xie Y., Gu J., Zhao S., Ding Y., Li Y., Li X., Liu L. Genetic mapping and identification of *Rht8-B1* that regulates plant height in wheat. *BMC Plant Biol.* 2023. Vol. 23, 333. Vol. 105. P. 731–738. <https://doi.org/10.1186/s12870-023-04343-3>.
14. Cao H., Duncan O., Islam S., Zhang J., Ma W., Millar A. H. Increased wheat protein content via introgression of an HMW glutenin selectively reshapes the grain proteome. *Mol. Cell Proteomics*. 2021. Vol. 20. 100097. <https://doi.org/10.1016/j.mcpro.2021.100097>.
15. Huang Y., Li Y., Zou K., Wang Y., Ma Y., Meng D., Luo H., Qu J., Li F., Xuan Y., Du W. The resistance of maize to *Ustilago maydis* infection is correlated with the degree of methyl esterification of pectin in the cell wall. *Int. J. Mol. Sci.* 2023. Vol. 24 (19). P. 14737. <https://doi.org/10.3390/ijms241914737>.
16. Smith J. L., Farhan Y., Schaafsma A. W. Practical resistance of *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Crambidae) to Cry1F *Bacillus thuringiensis* maize discovered in Nova Scotia, Canada. *Sci. Rep.* 2019. Vol. 9. P. 18247. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54263-2>.
17. Li Y. X., Wu X., Jaqueth J., Zhang D., Cui D., Li C., Hu G., Dong H., Song Y. C., Shi Y. S., Wang T., Li B., Li Y. The identification of two head smut resistance-related QTL in maize by the joint approach of linkage mapping and association analysis. *PLoS One*. 2015. Vol. 10 (12). e0145549. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0145549>.
18. Zhu M., Tong L., Xu M., Zhong T. Genetic dissection of maize disease resistance and its applications in molecular breeding. *Mol. Breeding*. 2021. 41. 32. <https://doi.org/10.1007/s11032-021-01219-y>.
19. Wang S., Li H., Dong Z., Wang C., Wei X., Long Y., Wan X. Genetic structure and molecular mechanism underlying the stalk lodging traits in maize (*Zea mays* L.). *Computational and Structural Biotechnology Journal*. 2023. Vol. 21. P. 485–494. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2022.12.037>.
20. Wang J., Zhao S., Zhang Y., Lu X., Du J., Wang C., Wen W., Guo X., Zhao C. Investigating the genetic basis of maize ear characteristics: a comprehensive genome-wide study utilizing high-throughput phenotypic measurement method and system. *Front. Plant Sci.* 2023. Vol. 14. P. 1248446. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1248446>.
21. Luo Y., Zhang M., Liu Y., Liu J., Li W., Chen G., Peng Y., Jin M., Wei W., Jian L., Yan J., Alisdair R. F., Yan J. Genetic variation in *Y1GE1* contributes to ear length and grain yield in maize. *New Phytologist*. 2022. Vol. 234 (2). P. 513–526. <https://doi.org/10.1111/nph.17882>.
22. Liu M., Zhang S., Li W., Zhao X., Wang X.-Q. Identifying yield-related genes in maize based on ear trait plasticity. *Genome Biol.* 2023. 24. P. 94. <https://doi.org/10.1186/s13059-023-02937-6>.

ZADOROZHNA O. A.

V. Ya. Yuriev of Plant Production of NAAS,
Ukraine, 61060, Kharkiv, Heroiv Kharkova Ave., 142

PROBLEMS AND PROSPECTS OF CEREALS GENETIC COLLECTIONS CREATING

Aim. To analyse the state of cereal genetic collections registered in NCPGRU, to identify problems and prospects for their further development. **Methods.** The analysis of the state of genetic collections was carried out by means of morphological analysis and analysis of literature sources. The prospects of molecular research methods, including the identification of individual genes and QTL mapping, were determined. **Results.** Among all registered types of grain collections, genetic ones accounted for 5 %. Along with the method of analysis of genes by phenotypic manifestation, the analysis and identification of individual genes and quantitative trait loci using molecular markers, mapping and functional analysis of individual genes are described. **Conclusions.** To create modern genetic collections of cereals, it is necessary to apply modern molecular approaches and analysis of modern scientific sources along with traditional methods of gene identification.

Keywords: gene, collection, trait, cereals, locus.