

ДУБРОВНА О. В.[✉], СЛИВКА Л. В.

Інститут фізіології рослин і генетики Національної академії наук України,

Україна, 03022, м. Київ, вул. Васильківська, 31/17, ORCID: 0000-0002-4884-7572, 0000-0001-6133-4395

[✉] dubrovny@ukr.net, 0675038730

СТІЙКІСТЬ ДО ВОДНОГО ДЕФІЦИТУ ТРАНСГЕННИХ РОСЛИН ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ НАСІННЄВОГО ПОКОЛІННЯ T₃ З НАДЕКСПРЕСІЄЮ ГЕНА ОРНІТИН-Δ-АМІНОТРАНСФЕРАЗИ

Мета. Дослідити стійкість до водного дефіциту трансгенних рослин нових генотипів озимої м'якої пшениці насіннєвого покоління T₃ з надекспресією гена синтезу проліну за фізіологічних та стресових умов. **Методи.** Генетична трансформація методом *in planta*, фізіолого-біохімічні, математичної статистики. **Результати.** У трансгенних рослин T₃ підтверджено, що підвищена активність ферменту орнітин-δ-амінотрансферази суттєво не впливає на вміст вільного проліну ні за контрольних умов, ні за умов водного дефіциту. Підтверджено, що надекспресія гена *oat* сприяє більш активному розвитку коренів у генетично змінених рослин як у нормі, так і за умов посухи: за довжиною коренів вони перевищували рослини вихідних генотипів на 3,9–4,5 см за нормального поливу, а за умов посухи – на 3,3–3,8 см. В умовах ґрунтової посухи біотехнологічні рослини переважали вихідні за кількістю зерна з рослини на 14–19 %, а за масою зерна з рослини 10–16 %. **Висновки.** Показано, що трансгенні рослини T₃ з надекспресією гена *oat* характеризуються порівняно вищою стійкістю до умов ґрунтової посухи ніж контрольні. Активація ростових процесів, що виявляється у збільшенні висоти стебла та кращому розвитку кореневої системи поліпшує адаптаційну пластичність та врожайність генетично змінених рослин.

Ключові слова: пшениця, трансгенні рослини, ген орнітин-δ-амінотрансферази, посуха, стійкість

Пшениця є однією з найстаріших і найбільш широко використовуваних продовольчих культур у світі та відіграє вирішальну роль у забезпеченні глобальної продовольчої безпеки, постачаючи п'яту частину світових харчових калорій і білка [1]. Для останніх десятиріч характерні значні зміни кліматичних умов, що негативно впливають на врожайність даної культури, рослини якої під час вегетації все частіше

підпадають під дію високих температур повітря та ґрунтових посух [2]. Прогнозується і подальше погіршення умов вирощування пшениці через деградацію земель та зменшення водопостачання [3]. Підвищити продуктивність пшениці без збільшення площі оброблених земель можливо шляхом поліпшення її толерантності до абіотичних стресів, що забезпечить стабільність врожаю навіть за несприятливих кліматичних умов.

Посуха – головний несприятливий чинник довкілля, дія якого завдає найбільшої шкоди посівам пшениці. Стрес від посухи негативно впливає на врожайність через зміни ростових, фізіологічних та метаболічних процесів у рослинному організмі. За дії цього стресору виникає цілий комплекс морфо-анатомічних, фізіологічних і біохімічних змін, спрямованих на обмеження втрати води через продиhi [4]. Глобальні кліматичні зміни та пов'язане з ними збільшення кількості ґрунтових та повітряних посух вимагають розробки нових стратегій в адаптації рослин до цього стресового чинника. Використання методів біотехнології, і зокрема, генетичної інженерії, є одним із перспективних напрямів, які дають можливість підвищити ефективність створення нових генотипів пшениці, стійких до посухи [5].

Для підвищення посухостійкості пшениці досить часто залучаються гени, що контролюють метаболізм «сумісних» осмотично активних речовин – органічних молекул, здатних у значних концентраціях акумулюватися в клітинах рослин за умов стресу, і не чинити токсичної дії на процеси їх росту і диференціації. Їх накопичення допомагає рослинам утримувати воду у клітинах і захищає органи від ушкоджень, спричинених зневодненням або підтримує тургорний тиск за водного стресу. Одним із найбільш перспективних підходів є ідентифікація та використання генів, що контролюють синтез проліну [6]. Пролін є одним із найбільш багато-

функціональних стресових метаболітів у рослин, який виконує функції не тільки інертного сумісного осмоліту, але й мембранопротекторну, шаперонну, антиоксидантну, а також бере участь у регуляції експресії деяких генів [7]. Додатковий синтез цієї амінокислоти підвищує загальну стійкість рослин до абіотичних стресів.

Орнітин-δ-амінотрансфераза (ОАТ) є піридоксаль-5-фосфатзалежним ферментом, який, як вважають, бере участь у біосинтезі проліну у рослин при стресі [8]. Потенційно, ОАТ може бути важливим регулятором клітинного метаболізму, оскільки реакція, що каталізується цим ферментом, пов'язує кілька біохімічних систем: цикл сечовини, цикл накопичення і деградації проліну та шлях біосинтезу поліамінів [8]. Ця реакція є частиною системи взаємоперетворень таких амінокислот, як аргінін, орнітин, глутамат і пролін. Зокрема, встановлено, що трансгенні рослини пшениці з надеспресією *oat* мають підвищену толерантність до водного дефіциту та засолення [9]. Проте існують і протилежні гіпотези про те, що ОАТ безпосередньо не впливає на накопичення цієї амінокислоти, викликане стресом [10]. Нами, шляхом генетичної трансформації, методом *in planta* отримано модифіковані рослини нових високопродуктивних генотипів озимої пшениці з підвищеною експресією гена *oat* та проаналізовані їх деякі фізіолого-біохімічні характеристики у поколінні T_2 за різних умов зростання [11]. Метою даної роботи було визначення стійкості до водного дефіциту рослин наступного насіннєвого покоління – T_3 за ростовими параметрами та елементами структури врожаю.

Матеріали і методи

Матеріалом досліджень були трансгенні рослини третього насіннєвого покоління, отримані на основі 3 вихідних генотипів озимої м'якої пшениці (Ук 065; Ук 322/17; Ук 997/19). Генетично модифіковані рослини були створені шляхом *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації методом *in planta* в умовах вегетаційного дослідження шляхом інокуляції кастрованих суцвіть з використанням штаму AGL0, що містить бінарний вектор pBi-OAT з цільовим геном орнітин-δ-амінотрансферази люцерни та селективний – неоміцинфосфотрансферази II (*nptII*) *E.coli*. З рослин насіннєвого покоління T_1 шляхом послідовного самозапилення було отримано насіннєве покоління T_3 , рослини якого були

перевірені на наявність трансгенів методом ПЛР.

Насіння T_3 восени було висіяне на ізолюваній ділянці у ґрунт, а навесні пересаджено у вегетаційні посудини об'ємом 10 л, наповнені однаковим об'ємом ґрунтосуміші. У половині посудин вихідні та трансгенні рослини вирощували за умов нормального поливу – 70 % від повної вологості (ПВ). У другій половині посудин у фазу виходу у трубку рослини піддавали дії ґрунтової посухи шляхом припинення поливу, а вологість ґрунту зменшували до 30 % від ПВ та підтримували на цьому рівні протягом 7 діб. Після чого відновлювали полив і до стадії повної зрілості зерна трансгенні рослини поливали тією ж кількістю води, що і контрольні варіанти.

Визначення вмісту вільного проліну в листках проводили за методикою Чинарда з модифікаціями [12]. Активність орнітин-δ-амінотрансферази (ОАТ) оцінювали згідно з [13]. Морфометричні показники та елементи структури продуктивності (масу зерна з рослини, кількість зерен у колосі) у контрольних та модифікованих генотипів визначали на 10 окремих рослинах у фазу повної стиглості зерна. Довжину коренів вимірювали після відмивання їх від ґрунту. Також у цю фазу аналізували кількість продуктивних стебел та масу сухої речовини коренів. Статистичну обробку отриманих даних проведено за загальноприйнятими методами варіаційної статистики з використанням Microsoft Excel. Різницю між даними вважали достовірною при $p \leq 0,05$. Повторність визначення біохімічних та морфометричних показників – триразова.

Результати та обговорення

Дослідження активності ферменту ОАТ у листках трансформантів покоління T_3 засвідчила, що за фізіологічних умов (70 % ПВ) вони переважали вихідні генотипи за цим показником в 1,6 раза (табл. 1). За умов ґрунтової посухи (30 % ПВ) активність ОАТ і у контрольних, і у трансгенних рослин підвищувалась, порівняно з варіантом з достатнім водозабезпеченням приблизно у 1,7 раза. При цьому у трансгенних генотипів вона, як і у контролі, була більшою, ніж у вихідних рослин. Ці результати суттєво не відрізняються від показників рослин T_2 і свідчить про стабільну експресію гетерологічного гена *oat*.

Таблиця 1. Активність ферменту орнітин-δ-амінотрансферази у прапорцевих листках трансформантів покоління Т₃ і контрольних рослин вихідних генотипів за фізіологічних (70 % ПВ) та умов посухи (30 % ПВ)

Генотип	Активність ферменту, нмоль П5К/хв*мг білка			
	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Ук 065	0,44±0,08	0,71±0,10*	0,69±0,09	1,16±0,12*
Ук 322/17	0,46±0,08	0,75±0,09*	0,72±0,08	1,25±0,13*
Ук 997/19	0,48±0,08	0,77±0,09*	0,75±0,10	1,27±0,13*

Примітка. * – різниця з рослинами вихідного типу істотна, відповідно, при $p < 0,05$.

Аналіз рослин покоління Т₃ за вмістом вільного проліну не виявив достовірних відмінностей між трансгенними та вихідними генотипами як за умов нормального поливу, так і за водного дефіциту (табл. 2).

При цьому, за дії ґрунтової посухи у вихідних і у трансгенних рослин вміст проліну підвищувався приблизно утричі, порівняно з контролем, що суттєво не відрізняється від показників рослин Т₂. Ці дані підтверджують попередньо отримані результати у сорту Зимоярка та інших селекційних ліній, що збільшення активності ОАТ не приводить до суттєвої зміни вмісту вільного проліну ні у нормі, ні за дії посу-

хи [11, 14]. Це свідчить на користь припущення, що не збільшення активності ОАТ приводить до накопичення проліну, а навпаки підвищений рівень амінокислоти індукує активність ферменту [15].

Аналогічно з іншими створеними та дослідженими нами трансгенними рослинами пшениці різних генотипів з надекспресією гена *oat* [11] порівняльний аналіз ростових параметрів головного пагона рослин вивчених трансформантів Т₃ у фазу повної стиглості зерна показав їх перевищення над рослинами вихідних генотипів за висотою: у контрольному варіанті на 6–10 см, за умов посухи – на 10–11 см (табл. 3).

Таблиця 2. Вміст вільного проліну у прапорцевих листках трансформантів покоління Т₃ і контрольних рослин вихідних генотипів за фізіологічних (70 % ПВ) та умов посухи (30 % ПВ)

Генотип	Вміст вільного проліну, мг/г сирої маси			
	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Ук 065	0,263±0,021	0,293±0,025	0,739±0,074	0,903±0,081
Ук 322/17	0,241±0,020	0,266±0,023	0,703±0,073	0,754±0,075
Ук 997/19	0,283±0,022	0,314±0,027	0,850±0,076	0,906±0,081

Таблиця 3. Ростові показники головного пагона рослин трансформантів покоління Т₃ і контрольних рослин вихідних генотипів за фізіологічних (70 % ПВ) та умов посухи (30 % ПВ)

Генотип	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Висота рослин, см				
Ук 065	86,2±3,0	96,4±2,1*	74,4±4,1	84,4±2,9*
Ук 322/17	93,9±3,6	99,7±3,2*	76,7±3,4	87,7±3,1*
Ук 997/19	94,5±2,7	104,2±4,5*	80,2±4,2	90,3±4,4*
Довжина колоса, см				
Ук 065	8,92±0,63	9,55±0,73	7,95±0,68	8,75±0,81
Ук 322/17	9,16±0,86	9,52±0,67	8,26±0,71	8,73±0,64
Ук 997/19	9,51±0,75	10,1±0,78	8,54±0,74	9,24±0,83
Довжина коренів, см				
Ук 065	7,9±0,6	11,8±0,8*	5,8±0,5	9,9±0,5*
Ук 322/17	9,3±0,6	13,2±1,1*	7,5±0,6	10,8±0,6*
Ук 997/19	10,3±0,5	14,8±1,3*	8,8±0,7	12,6±0,9*

Примітка. * – різниця з рослинами вихідного типу істотна, відповідно, при $p < 0,05$.

У трансформантів Т₃ також виявлена певна тенденція до збільшення довжини колоса порівняно з вихідними генотипами як за фізіологічних умов, так і умов посухи, проте достовірних відмінностей не виявлено. За довжиною коренів генетично-модифіковані рослини Т₃ у варіанті з достатнім водозабезпеченням перевищували рослини вихідних генотипів на 3,9–4,5 см, за умов посухи – на 3,3–3,8 см.

Кількість зерна з рослини у трансгенних ліній Т₃ за фізіологічних умов була порівняно вищою ніж у вихідних генотипів на 8,5–13,1 % та на 14–19 % за умов ґрунтової посухи (табл. 4). За масою зерна з рослини трансформанти також переважали контроль за нормальних умов поливу на 5–9 %, а за умов водного дефіциту ця різниця збільшувалася до 10–16 %.

За показником маси сухої речовини коренів трансгенні рослини Т₃ переважали рослини вихідних генотипів як у контролі (у середньому на 15 %), так і за умов ґрунтової посухи (у середньому на 11 %), що свідчить про порівняно краще розвинену кореневу систему у генетично змінених варіантів. Рослини з добре розвиненою кореневою системою можуть мати переваги у забезпеченні водою і поживними речовинами, порівняно з рослинами з меншою кореневою системою. Отже, потужніша коренева система генетично модифікованих рослин сприяла їх кращій адаптації до посухи, що могло позитивно вплинути на показники структури врожаю.

Відомо, що чим більша продуктивна куцистість рослини, тим потенційно більшу масу зерна можна отримати з неї. Як і у трансгенних генотипів, створених на основі сорту Зимоярка [14], у генетично змінених рослин нових селекційних ліній насіннєвого покоління Т₃ також виявлено порівняно більшу кількість продуктивних стебел – на 10–15 % за фізіологічних умов та на 15–20 % за умов посухи (табл. 5). Крім того, на врожайність позитивно впливають не тільки продуктивні пагони, а й ті, які навіть не утворюють колосу, проте формують додаткову кореневу систему, що після їх відмирання працює на рослину. Завдяки боковим пагонам також зростає розмір асиміляційного апарату рослини, який нагромаджує більше пластичних речовин, що пізніше переміщуються у колосоносні стебла і підвищують їхню продуктивність.

Таким чином, проведені дослідження трансгенних рослин нових генотипів озимої м'якої пшениці насіннєвого покоління Т₃ з надекспресією гена *oat* за нормальних та стресових умов показали їх вищу стійкість до умов ґрунтової посухи порівняно з вихідними рослинами. Проведений біохімічний аналіз генетично змінених генотипів підтвердив підвищену активність ферменту орнітин-δ-амінотрансферази як за нормальних умов, так і за умов посухи. Проте збільшена активність ферменту суттєво не впливає на вміст вільного проліну ні за контрольних умов, ні за умов водного дефіциту.

Таблиця 4. Елементи структури урожайності рослин вихідних генотипів та рослин трансформантів покоління Т₃ за фізіологічних (70 % ПВ) та умов посухи (30 % ПВ)

Генотип	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Кількість зерна з рослини, шт.				
Ук 065	91,6±2,7	99,4±3,3	78,4±2,2	93,4±3,5
Ук 322/17	95,6±2,9	106,9±5,9	85,8±2,6	100,7±5,4
Ук 997/19	97,6±2,7	110,4±4,8	90,6±2,7	103,5±4,6
Маса зерна з рослини, г				
Ук 065	3,24±0,54	3,54±0,67	2,98±0,37	3,47±0,54
Ук 322/17	3,64±0,74	3,82±0,77	3,27±0,61	3,65±0,70
Ук 997/19	3,97±0,84	4,17±0,91	3,69±0,74	4,02±0,78

Таблиця 5. Кількість продуктивних стебел у рослин вихідних генотипів та рослин трансформантів покоління Т₃ за фізіологічних (70 % ПВ) та умов посухи (30 % ПВ)

Генотип	Фізіологічні умови		Умови посухи	
	контроль	трансформанти	контроль	трансформанти
Кількість продуктивних стебел, шт.				
Ук 065	2,9±0,2	3,2±0,2	2,6±0,1	3,0±0,1
Ук 322/17	3,3±0,1	3,7±0,2	3,0±0,2	3,4±0,2
Ук 997/19	3,5±0,2	4,0±0,3	3,3±0,2	3,7±0,2

Ці результати свідчать на користь гіпотези, що ОАТ бере участь у катаболізмі аргініну та не впливає на накопичення проліну, спричинене стресом [10]. У рослин з надекспресією гена *oat* можливо відбувається більше накопичення орнітину, який сприяє кращому засвоєнню вуглецю й азоту і є попередником таких протекторних сполук як поліаміни. Вони пов'язані з адаптацією до негативних факторів довкілля, що обумовлено їх дією як поглиначів вільних радикалів, стабілізаторів макромолекул та клітинних мембран.

Висновки

На підставі аналізу морфометричних показників та елементів структури врожайності генетично модифікованих рослин м'якої озимої пшениці насіннєвого покоління T₃ з надекспресією гена орнітин- δ -амінотрансферази показано, що вони характеризуються порівняно вищою стійкістю до умов ґрунтової посухи ніж контро-

льні. Підтверджено, що надекспресія гена *oat* впливає на процеси росту та розвитку трансгенних рослин, зокрема сприяє більш активному росту коренів як у нормі, так і за умов посухи: за довжиною коренів за нормального поливу вони перевищували рослини вихідних генотипів на 3,9–4,5 см, а за умов посухи – на 3,3–3,8 см. При цьому суха маса коренів модифікованих рослин також перевищувала цей показник у вихідних генотипів як за нормальних умов, так і умов ґрунтової посухи. У стресових умовах водного дефіциту біотехнологічні рослини T₃ переважали вихідні за кількістю зерна з рослини на 14–19 %, а за масою зерна з рослини 10–16 %, що обумовлено кращими ростовими процесами та більш розвиненою кореневою системою. Активація ростових процесів, що виявляється у збільшенні висоти стебла та кращому розвитку кореневої системи поліпшує адаптаційну пластичність та врожайність генетично змінених рослин.

References

1. Erenstein O., Jalela M., Mottaleb K., Sonder K., Donovan J., Braun H. Global trends in wheat production, consumption and trade. *Wheat improvement*. 2022. Vol. 5. P. 47–66. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_4.
2. Nowsherwan I., Shabbir G., Malik S. I., Ilyas M., Iqbal M., Musa M. Effect of drought stress on different physiological traits in bread wheat. *SAARS J. Agric.* 2018. Vol. 16. P. 1–6. <https://doi.org/10.3329/SJA.V16I1.37418>.
3. Hossain A., Skalicky M., Brestic M., Maitra S., Alam M. A., Syed M. A., Hossain J., Sarkar S., Saha S., Bhadra P., Shankar T., Bhatt R., Kumar C. A., Sabagh A., Islam T. Consequences and mitigation strategies of abiotic stresses in wheat (*Triticum aestivum* L.) under the changing climate. *Agronomy*. 2021. Vol. 11. P. 241–250. <https://doi.org/10.3390/agronomy11020241>.
4. Kapoor D., Bhardwaj S., Landi M., Sharma A., Ramakrishnan M., Sharma A. The impact of drought in plant metabolism: How to exploit tolerance mechanisms to increase crop production. *Appl. Sci.* 2020. Vol. 10. P. 5692. <https://doi.org/10.3390/app10165692>.
5. El-Mouhamady A., El-Hawary M., Haboub M. Transgenic wheat for drought stress tolerance, *Middle East Journal of Agriculture Research*. 2023. Vol. 12. P. 77–94. <https://doi.org/10.36632/mejar/2023.12.2.17>.
6. Dubrovna O. V., Mykhalska S. I., Komisarenko A. G. Using of proline metabolism genes in plant genetic engineering. *Cytology and genetics*. 2022. Vol. 56. P. 361–378. <https://doi.org/10.3103/S009545272204003X>.
7. Ghosh U. K., Islam M. N., Siddiqui M. N., Cao X., Khan M. A. R. Proline, a multifaceted signalling molecule in plant responses to abiotic stress: understanding the physiological mechanisms. *Plant Biology*. 2022. Vol. 24. P. 227–239. <https://doi.org/10.1111/plb.13363>.
8. Anwar A., She M., Wang K., Ye X. Biological roles of ornithine aminotransferase (OAT) in plant stress tolerance: present progress and future perspectives. *Int J Mol Sci.* 2018. Vol. 19. P. 3681. <https://doi.org/10.3390/ijms19113681>.
9. Anwar A., Wang K., Wang J. Expression of Arabidopsis Ornithine Aminotransferase (AtOAT) Encoded Gene Enhances Multiple Abiotic Stress Tolerances in Wheat. *Plant Cell Rep.* 2021. Vol. 40. P. 1155–1170. <https://doi.org/10.1007/s00299-021-02699-0>.
10. Funck D., Stadelhofer B., Koch W. Ornithine-delta-aminotransferase is essential for arginine catabolism but not for proline biosynthesis. *BMC Plant Biology*. 2008. Vol. 8. P. 40. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-8-40>.
11. Dubrovna O. V., Priadkina G. O., Mykhalska S. I., Komisarenko A. G. Physiological and biochemical characteristics of transgenic winter wheat plants with overexpression of ornithine- δ -aminotransferase gene. *Fiziol. rast. genet.* 2023. Vol. 55. P. 58–73. <https://doi.org/10.15407/frg2023.01.058>.
12. Bates L. S., Waldren R. P., Teare I. D. Rapid determination of free proline for water-stress studies. *Plant Soil*. 1973. Vol. 39. P. 205–207. <https://doi.org/10.1007/BF00018060>.
13. Madan S., Nainawatee H. S., Jain R. K., Chowdhury J. B. Proline and proline metabolizing enzymes in-vitro selected NaCl-tolerant. *Ann Bot.* 1995. Vol. 76. P. 51–57. Retrieved from: <https://www.jstor.org/stable/42764614>.
14. Dubrovna O. V., Priadkina G. O., Mykhalska S. I., Komisarenko A. G. Water deficiency tolerance of genetically modified common wheat cv. Zymoyarka, containing a heterologous ornithine- δ -aminotransferase gene. *Agricultural Science and Practice*. Vol. 8. P. 25–39. <https://doi.org/10.15407/agrisp8.01.014>.

15. Sharma S., Verslues P. E. Mechanisms independent of abscisic acid (ABA) or proline feedback have a pre-dominant role in transcriptional regulation of proline metabolism during low water potential and stress recovery. *Plant Cell Environ.* 2010. Vol. 33. P. 1838–1851. doi: 10.1111/j.1365-3040.2010.02188.x.

DUBROVNA O. V., SLIVKA L. V.

*Institute of Plant Physiology and Genetics of the Natl. Acad. of Sci. of Ukraine,
Ukraine, 03022, Kyiv, Vasylkivska str., 31/17*

RESISTANCE TO WATER DEFICIT OF TRANSGENIC WINTER WHEAT PLANTS OF THE T₃ SEED GENERATION WITH OVEREXPRESSION OF THE ORNITHINE-Δ-AMINOTRANSFERASE GENE

Aim. To investigate the resistance to water deficit of transgenic plants of new genotypes of winter soft wheat of the T₃ seed generation with overexpression of the proline synthesis gene under physiological and stress conditions. **Methods.** Genetic transformation by the *in planta* method, physiological and biochemical, mathematical statistics. **Results.** In transgenic T₃ plants, it was confirmed that the increased activity of the ornithine-δ-aminotransferase enzyme does not significantly affect the content of free proline either under control conditions or under water deficit conditions. It was confirmed that overexpression of the *oat* gene promotes more active root development in genetically modified plants both under normal and drought conditions: in terms of root length, they exceeded the plants of the original genotypes by 3.9–4.5 cm under normal irrigation, and by 3.3–3.8 cm under drought conditions. Under soil drought conditions, biotechnological plants outperformed the original ones by 14–19 % in terms of grain quantity per plant, and by 10–16 % in terms of grain mass per plant. **Conclusions.** It was shown that transgenic T₃ plants with overexpression of the *oat* gene are characterized by relatively higher resistance to soil drought conditions than control plants. Activation of growth processes, which is manifested in an increase in stem height and better development of the root system, improves adaptive plasticity and yield of genetically modified plants.

Keywords: wheat, transgenic plants, ornithine-δ-aminotransferase gene, drought, resistance.