

лу культурної флори Національного ботанічного саду імені М. М. Гришка НАН України впродовж 2010–2023 рр.

Результати досліджень. Досліджено трихоми листової пластинки зразків м'яти зазначених таксонів. У верхівковій (апикальній) частині рослини виявлена відмінність в опушенні листків: у генотипів рослин *M. longifolia* var. *asiatica*, *M. rotundifolia* (ф. 1) спостерігається повстисте опушення, у представників *M. rotundifolia* (ф. 2) – доволі помірне, у *M. spicata* виявлено поодинокі трихоми.

Адаксіальна поверхня листової пластинки також має відмінності в опушенні, а саме: *M. longifolia* var. *asiatica*, *M. rotundifolia* (ф. 1 та ф. 2) мають густе повстисте опушення, яке формується простими серпоподібними волосками, які запобігають швидкій транспірації і виконують захисну функцію. У рослин *M. spicata* адаксіальна поверхня рідко опушена простими звивистими волосками, листовка пластинка значно щільніша на відміну від попередніх інтродуцентів. В усіх представників чітко виражені ефіроолійні залозки, наповнені секретом.

Абаксіальна поверхня у рослин роду *Mentha* має такий самий тип та щільність опушення як і адаксіальна. В усіх представників окрім *M. longifolia* var. *asiatica* на жилках листків спостерігається більш виражене густе опушення, зокрема у *M. rotundifolia* (ф. 1 та ф. 2) воно представлено значно (в 1,5–2,0 рази) довшими прости-

ми щільнопереплетеними між собою волосками, а у *M. spicata* конічними. Також варто зазначити, що у *M. spicata* на абаксіальній поверхні зафіксовано ефіроолійні залозки, чого не спостерігали у решти досліджених рослинних генотипів.

Мікроморфологічний аналіз стебла дозволив також виявити відмінності в опушенні: у *M. longifolia* var. *asiatica* виявлено густий покрив, утворений простими серпоподібними волосками, а у решти представників опушення майже відсутнє. Проте зазначимо, що у посушливі роки стебло набуває опушення – трихоми трапляються рідко і представлені простими конічними волосками.

Отже, мікроморфологічні дослідження вегетативних органів рослин роду *Mentha* дозволили встановити ряд відмінностей між таксономі інтродукованих рослин. Відомо, що наявність опушення у рослин (зокрема, його щільність) є адаптивною реакцією на умови зростання. Це регуляторний механізм захисту у періоди тривалої спеки із низьким рівнем повітряної і ґрунтової вологості. Таким чином, рослина захищається від надмірної втрати вологи та оптимізує метаболічні процеси організму. Виявлені морфологічні особливості інтродуцентів роду *Mentha* – особливості опушення вегетативних органів, можуть бути використані у подальшій селекційній роботі для створення стійких сортів в умовах підвищеного температурного режиму і дефіциту вологи.

УДК: 631.527:631.1

Коковіхіна О. С., аспірантка

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН України

E-mail: yellowblac@ukr.net

ЕФЕКТИВНІСТЬ СЕЛЕКЦІЇ РОСЛИН ЗА ВИКОРИСТАННЯ МАРКЕРІВ ДЛЯ ПІДВИЩЕННЯ ВРОЖАЙНОСТІ

Швидке зростання глобального населення та зміна умов навколишнього середовища зумовлюють потребу у виробництві високоврожайних і стійких до хвороб рослин, що мають бути адаптованими до змін клімату. Запит на підвищення врожайності сільськогосподарських культур для задоволення глобальних потреб у продовольстві вимагає інноваційних стратегій у агрономії та, зокрема, селекції рослин. Методи селекції з використанням маркерів стали багатообіцяючим засобом прискорення процесу розробки високоврожайних сортів рослин. Тому огляд останніх досягнень з використанням маркерів та їх застосуванням для покращення сортів рослин: підвищення врожайності та продуктивності - є своєчасним та актуальним. Традиційні методи селекції рослин ґрунтуються на фенотипових спостереженнях, коли рослини з бажаними ознаками відбираються на основі їх характеристик. Однак цей підхід може зайняти багато часу та ресурсів, особливо для складних ознак, на які впливають численні

гени. Швидке зростання населення та зміна кліматичних умов загострюють проблему виведення високоврожайних сортів сільськогосподарських культур. Селекція з використанням молекулярних маркерів пропонує рішення для ідентифікації та вибору бажаних ознак з більшою точністю та ефективністю, прискорюючи процес селекції.

Маркери в контексті селекції для підвищення врожайності стосуються специфічних генетичних варіацій або ознак, які можна ідентифікувати та відстежувати в ДНК організмів. Вони служать індикаторами присутності певних генів або геномних ділянок, пов'язаних з бажаними ознаками, які відповідають за врожайність. Селекція за допомогою маркерів використовує їх для прискорення процесу селекції, дозволяючи селекціонерам прогнозувати та відбирати рослини з бажаними ознаками більш ефективно та точно. Маркерами можуть бути різні типи генетичних варіацій, причому двома найбільш часто використовуваними типами є одонуклеотидні

поліморфізми (SNP) і прості повтори послідовності (SSR), також відомі як мікросателіти. Ці варіації по суті є відмінностями в послідовності ДНК у певних місцях геному.

Однонуклеотидні поліморфізми (SNP) є найпоширенішим типом генетичної варіації в організмах, вони передбачають зміну одного нуклеотиду (основи ДНК) у певній позиції в геномі. SNP часто використовуються як маркери, оскільки їх багато по всьому геному і їх можна легко генотипувати за допомогою високопродуктивних технологій секвенування. В свою чергу секвенування відноситься до процесу визначення точного порядку нуклеотидів у геномі рослини, воно забезпечує розуміння генетичного складу рослини, включаючи розташування генів, регуляторних елементів та інших функціональних областей. Технологія секвенування дозволяє селекціонерам отримати глибоке розуміння генетичної основи ознак, хвороб і різноманітних характеристик досліджуваних організмів. Другим маркером можуть виступати прості повтори послідовності (SSR) або мікросателіти – короткі, повторювані послідовності ДНК, які відрізняються за кількістю повторів. Вони знаходяться в некодуючих областях геному і зазвичай використовуються як маркери через їх високу варіабельність і легкість виявлення за допомогою методів полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). ПЛР є фундаментальним методом молекулярної біології, який широко використовується в селекції рослин для ампліфікації певних сегментів ДНК і дозволяє генерувати велику кількість ДНК з невеликого початкового зразка, уможливаючи аналіз і маніпулювання генетичною інформацією для різних цілей, включаючи аналіз ознак, розробку маркерів і оцінку генетичної різноманітності.

Маркери, пов'язані з підвищенням врожайності, можна ідентифікувати за допомогою різних методів, таких як загальногеномні дослідження асоціацій (GWAS) і картографування локусів кількісних ознак (QTL). GWAS аналізує весь геном, щоб виявити асоціації між конкретними маркерами та ознаками, тоді як QTL-картування визначає ділянки геному, які пов'язані з певними ознаками. Після ідентифікації маркерів, пов'язаних із ознаками, що дотичні з врожайніс-

тю, їх можна використовувати в селекційних програмах кількома способами. Одним з них є відбір, тобто селекціонери можуть відбирати рослини з бажаними маркерами, пов'язаними з підвищенням урожаю, що дає змогу точніше відбирати особин із потенціалом покращеної врожайності, не чекаючи фенотипічного вираження ознаки. Зворотне схрещування за допомогою маркерів може застосовуватися у випадках, коли цінну ознаку необхідно ввести в нове генетичне походження, тоді селекціонери можуть використовувати маркери для відстеження успадкування ознаки під час зворотного схрещування, що прискорює процес інтрогресії бажаної ознаки, одночасно мінімізуючи втрату інших цінних ознак. Геномний відбір також використовується у сучасній селекції, він передбачає використання великої кількості маркерів, поширених у геномі, для прогнозування племінної цінності особини на основі її генетичної структури, що особливо корисно для ознак, які важко виміряти безпосередньо, наприклад врожайність.

Запровадження селекції за допомогою маркерів демонструє успіх у покращенні ознак, пов'язаних із врожайністю, а високопродуктивні технології генотипування дозволяють ідентифікувати геномні області, пов'язані з компонентами врожайності, такими як розмір зерна, біомаса та час цвітіння. Крім того, інтеграція підходів геномного відбору дозволяє селекціонерам передбачити ефективність потенційних ліній рослин, що призводить до більш точного процесу відбору, тобто методи з використанням маркерів пришвидшують темп виведення сортів сільськогосподарських культур із покращеною врожайністю та бажаними агрономічними характеристиками, сприяючи продовольчій безпеці та економічному зростанню. Інтеграція молекулярних маркерів, геноміки та аналізу даних підвищує точність і ефективність відбору ознак, однак залишаються проблеми потреби в обширних генотипових і фенотипових даних, а також оптимізації протоколів за допомогою маркерів для різних культур. Майбутні зусилля мають бути зосереджені на усуненні обмежень цих методів, сприянні міждисциплінарному партнерству та розробці доступних баз даних для асоціацій маркерів і ознак.