

# ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ КУКУРУДЗИ ЗА МОЛЕКУЛЯРНИМИ МАРКЕРАМИ У ЗВ'ЯЗКУ З ПОСУХОТОЛЕРАНТНІСТЮ

## ASSESSMENT OF MAIZE GENETIC RESOURCES BY MOLECULAR MARKERS IN CONNECTION WITH DROUGHT RESISTANCE

**Н.Е. Волкова, Н.І. Букреєва, Г.І. Сліщук**

N. E. Volkova, N. I. Bukryeyeva, H. I. Slishchuk

**Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнав-  
ства та сортовивчення**

Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigations  
of NAAS

e-mail: natavolki@ukr.net

Анализируется полиморфизм генов кукурузы, связанных с формированием и развитием корневой системы в связи с засухоустойчивостью: *roothair defective (rth1-rth3, rth5), absence of seminal root (asr1), bilateral coleoptile (blc1), large primary root (lpr1) lateral rootless (lrt1), root-cap periphery (rcp1, rcp2), rootless (rt1), rootless concerning crown and seminal roots (rtcs1), short lateral root (slr1, slr2), lateral root primordia like (srs1-srs8)* и др. Оценен полиморфизм определенных регионов данных генов, разработан дизайн праймеров к полиморфным участкам, проведена полимеразная цепная реакция (ПЦР) *in silico*. Разработанные пары праймеров используются для проведения ПЦР *in vitro* для анализа молекулярно-генетического полиморфизма генотипов кукурузы, различающихся степенью засухоустойчивости.

*There is being analyzed polymorphism of maize genes associated with the formation and development of the root system in connection with tolerance to drought: roothair defective (rth1-rth3, rth5), absence of seminal root (asr1), bilateral coleoptile (blc1), large primary root (lpr1) lateral rootless (lrt1), root-cap periphery (rcp1, rcp2), rootless (rt1), rootless concerning crown and seminal roots (rtcs1), short lateral root (slr1, slr2), lateral root primordia like (srs1-srs8) and others. The polymorphism of certain genes in these regions is evaluated, design of primers to polymorphic sites is developed, polymerase chain reaction (PCR) in silico is performed. The developed primer pairs are used for PCR in vitro to analyse a molecular genetic polymorphism of maize genotypes differing in degree of drought tolerance.*

Посуха є одним з важливіших абіотичних стресів, що призводить до значних втрат врожаю сільськогосподарських культур, в т.ч. кукурудзи (*Zea mays* subsp. *mays* L.). Глобальна зміна клімату проявляється й в тому, що посухи стають більш частішими та шкодочинними, особливо на півдні України – в регіоні, який взагалі традиційно вважається зоною ризикованого землеробства. Так, умови 2015 року були унікальними, бо поєднували три види посухи – ґрунтову, атмосферну та гідрологічну. Загальна мета селекції на посухоустойчивість - максимальна реалізація потенціалу врожайності та скорочення розриву між потенціалом врожайності і врожайністю за дією стресу. Тому актуальним є прискорення селекційного процесу створення посухоустойчивих генотипів кукурудзи шляхом маркер-супутнього добору (Marker Assisted Selection, MAS). Це, в свою чергу, вимагає вивчення генетичних

ресурсів кукурудзи за генами, асоційованими з посухо- та жаротолерантністю.

Посухотолерантність - комплексна ознака, яка контролюється багатьма генами, маніпулювати якими можливо шляхом традиційної селекції, добору за молекулярними маркерами або генної трансформації. За останнє десятиліття ідентифіковано багато генів, що мають значення для забезпечення посухотолерантності, зокрема, гени, що кодують протеїни теплового шоку та шаперони, сигнальні молекули, транспортери, фактори транскрипції та ін. Найважливішою умовою отримання високого врожаю зерна, особливо в умовах посухи, є потужна глибокопроникаюча коренева система, тому першим етапом наших досліджень є біоінформатичний та молекулярно-генетичний аналіз поліморфізму генів архітектури кореневої системи (Root System Architecture).

Дослідження поліморфізму провадитиметься на генотипах 80 зразків кукурудзи з різним ступенем толерантності до посухи – від сприйнятливих до високотолерантних - з різних країн (Албанія, Буркіна Фасо, Зімбабве, Мексика, Нігерія, США, Україна).

Архітектура кореневої системи є 3D конфігурацією кореня і включає такі характеристики: довжина коренів, діаметр коренів, характер галуження, різні типи коренів, кут росту коренів, довжина і густина кореневих волосків. Нами аналізується поліморфізм таких генів кукурудзи, пов'язаних з формуванням та розвитком кореневої системи: *roothair defective (rth1-rth3, rth5)*, *absence of seminal root (asr1)*, *bilateral coleoptile (blc1)*, *large primary root (lpr1)*, *lateral rootless (lrt1)*, *root-cap periphery (rcp1, rcp2)*, *rootless (rt1)*, *rootless concerning crown and seminal roots (rtcs1)*, *short lateral root (slr1, slr2)*, *lateral root primordia like (srs1-srs8)* та ін. За допомогою біоінформатичних підходів оцінено поліморфізм певних регіонів даних генів, розроблено дизайн праймерів до поліморфних ділянок, проведено полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) *in silico*; розроблені пари праймерів використовуються для проведення ПЛР *in vitro* для аналізу молекулярно-генетичного поліморфізму генотипів кукурудзи, що різняться ступенем посухотолерантності.

Отже, знання генетичних детермінант ознак кореня, їхньої взаємодії, а також того, як вони впливають на формування врожаю зерна, дозволить розробити молекулярні маркери для впровадження в сучасні селекційні програми створення посухотолерантних генотипів кукурудзи.