

Серед зернових сортів варто виділяти окремо сорти, придатні для виготовлення продуктів харчування. Такі сорти, на відміну від пивоварних, мають високий уміст білка в зерні, але плівка у них не має бути грубою, щоб не ускладнювати процес переробки.

У наших дослідженнях серед зернових високобілкових сортів і ліній було виділено зразки з відносно низькою плівчастістю. Так, за плівчастістю серед сортів, придатних для харчового напряму, віднесли 'Смарагд' (4,07 %), 'Степовик' (4,31 %), 'Донецький 15' (5,05 %), 'Взірець', 'Ілек 9' (5,31 %), 'Східний' (5,36 %), 'Парнас' (5,80 %), 'Донецький 12' (5,91 %), 'Донецький 14' (6,33 %), 'Хорс' (6,96 %), 'Абалак' (6,99 %).

Особливо варто відмітити лінії ячменю з *ваху* крохмалем, створені в Інституті рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН – '09-971а', '12-333', '12-945', '12-1014', '12-965'. Ці лінії є носіями мутації *ваху* (ген *wax*), яка блокує синтез амілози, в результаті чого вміст амілопектину в крохмалі досягає 97–100 %. Такі ячмені є особливо цінними для харчової промисловості, зокрема для виготовлення дієтичної продукції, оскільки містять до 11–12 % унікальних некрохмалистих полісахаридів β-глюканів (у звичайного ячменю 3–5 %).

За результатами наших досліджень лінії з *ваху* крохмалем характеризувалися відносно низькою плівчастістю: 3,94 % ('12-945'), 4,47 % ('12-1014'), 5,42 % ('12-333'), 5,79 % ('09-971а'), 6,42 % ('12-965'). Тобто, за цією ознакою досліджені лінії є придатними для переробки в харчовій промисловості.

Таким чином, плівчастість змінюється залежно від умов вирощування, а саме – за сприятливих умов плівки більш тонкі. Пивоварні ячмені характеризуються низькою плівчастістю, високобілкові зернові – високою. Серед зернових сортів для переробки на продукти харчування варто виділяти сорти з низькою плівчастістю.

УДК 631.527:577.112/.213

Вдовиченко Ж. В.* , Васильківський С. П.

*Білоцерківський національний аграрний університет, пл. Соборна, 8/1,
м. Біла Церква, Київська обл., 09117, Україна, *e-mail: zhannavd@i.ua*

БІЛКОВІ ТА ДНК-МАРКЕРИ У СУЧАСНІЙ СЕЛЕКЦІЇ РОСЛИН

Поява методу лабораторної оцінки рослин за біохімічними (білковими) маркерами у 70-х рр. ХХ ст. відкрила новий етап у розвитку селекції. Під час встановлення генетичного зчеплення білкового компонента з ознакою інтересу (наприклад, стійкістю проти певного фітопатогена, кольором або формою плодів і т. д.) стала можливою лабораторна оцінка рослини на ранніх етапах її розвитку, ще до фенотипічного прояву самої ознаки. Відповідно, білковий компонент називають маркером цієї ознаки. Білкові маркери відіграли значну роль у вивченні генетики сільськогосподарських культур. Проте з відкриттям ПЛР та переходом на ДНК-маркери їх практичне застосування значно зменшилося. Недоліком білкових маркерів можна

Світові рослинні ресурси: стан та перспективи розвитку

назвати порівняно низький поліморфізм, який вони забезпечують. Також компонентний склад ізоферментів залежить від стадії розвитку рослини, її фізіологічного стану, отже не завжди задовільно відтворюється. На противагу, спектр запасних білків добре відтворюється. Проте гени, що контролюють запасні білки, розташовані у кількох обмежених локусах. Тим не менше, білкові маркери є дешевшими порівняно із ДНК-маркерами. Тому, оцінка за запасними білками деяких культур, особливо злакових, все ще залишається актуальною, зокрема у насінництві при встановленні сортової чистоти або гібридності. У пшениці компоненти запасних білків напряму пов'язані із хлібопекарськими якостями і використовуються у селекції за цією ознакою. Таким чином, у невеликих лабораторіях електрофорез запасних білків все ще знаходить своє застосування.

Відкриття ПЛР у 1983 р. та розробка різноманітних систем ДНК-маркерів значно розширили можливості маркерної селекції. При встановленні тісного зчеплення ДНК-маркеру з ознакою інтересу можна оцінювати рослини ще до цвітіння і одразу залучати у схрещування необхідні генотипи. Це дозволяє значно скоротити час виконання та обсяг необхідної роботи, оскільки можна виключити 75–90 % рослинного матеріалу із селекційного процесу, який не становить генетичної цінності. Традиційно для створення сорту необхідно 12–15 років, при застосуванні ДНК-маркерів цей процес скорочується на 5–7 років (Сиволап, 2013).

До переваг ДНК-маркерів належать такі: рослину можна оцінювати на будь-якій стадії розвитку від насінини до стадії повної зрілості, і навіть рослинні рештки. При цьому на результат оцінки це не впливає. Ці маркери у значній кількості рівномірно розповсюджені по всьому геному. На сьогодні розроблено багато систем ДНК-маркерів. Хронологічно першими з'явилися так звані полілокусні системи, наприклад *RAPD*, *AFLP*, *ISSR* та ін. Ці системи відіграли суттєву роль при початковому вивченні генетичного поліморфізму культур, коли їх геном був ще мало досліджений. Олігонуклеотидні праймери, що використовуються в полілокусних системах, не є специфічними і можуть бути придатними для вивчення будь-яких культур. На зміну полілокусним прийшли високоспецифічні монолокусні системи, такі як *SSR* (*simple sequence repeats* – мікросателіти) та *SNP* (*single nucleotide polymorphism*). Це стало можливим завдяки накопиченню величезної бази даних щодо ДНК послідовностей геномів більшості сільськогосподарських культур. Для них складені щільні і надзвичайно інформативні генетичні карти, доступні для науковців. Тобто хромосомна локалізація кожного розробленого *SSR* або *SNP* маркера відома і вказана на карті. Ця обставина значно полегшує роботу при необхідності пошуку нового ефективного молекулярного маркеру для тої чи іншої ознаки. Для цього можна провести початковий скринінг популяції, що розщеплюється, за невеликою кількістю маркерів, наприклад з набором по 1 маркеру на кожне хромосомне плече з геному досліджуваної культури. Після встановлення групи зчеплення можна знову, користуючись доступною генетичною картою *SSR* маркерів, добирати додаткові маркери і вести серед них пошук найтісніше зчепленого з ознакою.

Окремо варто зауважити про *SNP*-маркери. Цей тип маркерів дедалі частіше застосовується у селекційних програмах потужних насінневих компаній. Своїм запровадженням *SNP*-маркери завдячують приходу новітніх технологій секвенування геномів – *NGS* (*Next generation sequencing*). Дані технології дозволяють автоматизувати процес скринінгу масиву зразків за великою кількістю маркерів, а отже суттєво оптимізувати селекційний процес. Можливість одночасної оцінки за багатьма ДНК-маркерами надала нарешті ефективні інструменти для роботи з кількісними ознаками і локалізації *QTL*.

В Україні селекція за допомогою мікросателітів (*SSR*-маркерів) вимагає більш широкого впровадження, спираючись на досягнення передових наукових лабораторій світу у побудові генетичних карт основних сільськогосподарських культур. На жаль, високовартісні технології *NGS* в Україні відсутні взагалі, що безумовно спричинює суттєве відставання вітчизняної селекції.

УДК 633.12:631.52

Вільчинська Л. А.

Подільський державний аграрно-технічний університет, вул. Шевченка, 13,
м. Кам'янець-Подільський, Хмельницька обл., 32300, Україна, e-mail: rsn@pdatu.edu.ua

СЕЛЕКЦІЯ ГРЕЧКИ У ПОДІЛЬСЬКОМУ ДЕРЖАВНОМУ АГРАРНО-ТЕХНІЧНОМУ УНІВЕРСИТЕТІ

Глобальна зміна кліматичних умов, порушення екологічної рівноваги, зменшення запасів природних, зокрема енергетичних ресурсів, спонукають сучасне сільське господарство реагувати на демографічні та екологічні зміни збільшенням продовольчих запасів. Альтернативою є вирощування сільськогосподарських культур з унікальними харчовими і лікувально-дієтичними властивостями.

Гречка – це культура різностороннього використання та безвідходної технології вирощування. Унікальні біохімічні властивості гречки визначають її як цінну продовольчу, стратегічну, медоносну, агротехнічну культуру.

Однак площі посіву цієї культури та урожайність з 2001 року нестабільні і коливаються в межах 130–575 тис. га і 6,7–12,8 ц/га. Подолання цих проблем можливе шляхом створення нових сортів з високою урожайністю і покращеними технологічними показниками якості зерна. Основою для створення нового вихідного матеріалу є колекція роду Гречкових *Fagopyrum* Mill., наявна в Науково-дослідному інституті круп'яних культур ім. О. Алексєєвої Подільського державного аграрно-технічного університету (НДІКК ПДАТУ).

Сьогодні, завдяки планомірній роботі селекціонерів та науковців НДІКК ПДАТУ базова колекція нараховує близько 1000 зразків зібраних з різних регіонів світу (Японія, Китай, Білорусь, Росія, Литва, Латвія, Франція, Польща). Наявна колекція, за міжнародною класифікацією, належить до

Світові рослинні ресурси: стан та перспективи розвитку