



Національна академія аграрних наук України
Інститут кліматично орієнтованого
сільського господарства НААН
ВГО «Українське товариство генетиків
і селекціонерів імені М.І. Вавилова»

Збірник матеріалів
II Міжнародної науково-практичної
конференції

«МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР: ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ»

12 листопада 2025 року
м. Одеса



**НАЦІОНАЛЬНА АКАДЕМІЯ АГРАРНИХ НАУК УКРАЇНИ
ІНСТИТУТ КЛІМАТИЧНО ОРІЄНТОВАНОГО СІЛЬСЬКОГО ГОСПОДАРСТВА
ВГО «УКРАЇНСЬКЕ ТОВАРИСТВО ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ імені М.І. ВАВИЛОВА»**

Збірник матеріалів

II Міжнародної науково-практичної конференції

**МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ
ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР:
ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ**

**12 листопада 2025 року
Одеса, Україна**

**NATIONAL ACADEMY OF AGRARIAN SCIENCES OF UKRAINE
INSTITUTE OF CLIMATE-SMART AGRICULTURE OF THE NATIONAL ACADEMY
OF AGRARIAN SCIENCES OF UKRAINE
ALL-UKRAINIAN PUBLIC ORGANIZATION «VAVILOV SOCIETY OF GENETICISTS
AND BREEDERS OF UKRAINE»**

Materials

II International Scientific and Practical Conference

MOLECULAR GENETICS, BREEDING AND BIOTECHNOLOGY OF AGRO-CULTURES: ACHIEVEMENTS AND CHALLENGES

November 12, 2025

Odesa, Ukraine

Рекомендовано до друку Вченою радою Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства Національної академії аграрних наук України
(протокол № 19 від 14 листопада 2025 року)

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ:

ВОЖЕГОВА Раїса – доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, директорка Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

ЛАВРИНЕНКО Юрій – доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, головний науковий співробітник відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

КУНАХ Віктор – доктор біологічних наук, професор, член-кореспондент Національної академії наук України, завідувач відділу генетики клітинних популяцій Інституту молекулярної біології і генетики НАН України, президент ВГО «Українське товариство генетиків та селекціонерів імені М.І. Вавилова», м. Київ, Україна

КОРОЛЬ Абрам – доктор біологічних наук, професор Інституту генетики еволюції Хайфського університету, Хайфа, Ізраїль

ВОЛКОВ Роман – доктор біологічних наук, професор, завідувач кафедри молекулярної генетики та біотехнології Навчально-наукового інституту біології, хімії та біоресурсів Чернівецького національного університету імені Юрія Федьковича, м. Чернівці, Україна

КАЛЕНДАР Руслан – доктор філософії, професор, старший науковий співробітник Гельсінського університету, Гельсінкі, Фінляндія

МАРЧЕНКО Тетяна – доктор сільськогосподарських наук, професор, завідувачка відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

ВОЛКОВА Наталія – доктор біологічних наук, старший науковий співробітник, головний науковий співробітник відділу селекції сільськогосподарських культур Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

ПЛЯРСЬКА Олена – кандидат сільськогосподарських наук, старший дослідник, завідувачка відділу маркетингу та міжнародної діяльності Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна

Збірник матеріалів II Міжнародної науково-практичної конференції «Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики», м. Одеса, Україна, 12 листопада 2025 року. Одеса: ІКОСГ НААН, 2025. 90 с.

У збірнику зібрані тези доповідей учасників II Міжнародної науково-практичної конференції «Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики». У матеріалах представлені дослідження стану вітчизняного агрокомплексу та практика передових установ щодо ефективності застосування сучасних інновацій у молекулярній генетиці, селекції, біотехнології та використання штучного інтелекту.

UDC 575:631.52

DOI <https://www.doi.org/10.32782/57563152>

Recommended for printing by the Academic Council of the Institute of climate-smart agriculture
of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine
(Protocol No. 19 November 14, 2025)

EDITORIAL BOARD:

Rayisa VOZHEHOVA – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of NAAS, Director of the Institute of climate-smart agriculture of NAAS, Odesa, Ukraine

Yurii LAVRYNENKO – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of NAAS, Senior Researcher of the Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS, Odesa, Ukraine

Viktor KUNAKH – Doctor of Biological Sciences, Professor, Corresponding Member of the National Academy of Sciences of Ukraine, Head of the Department of Cell Population Genetics, Institute of Molecular Biology and Genetics of NAS of Ukraine, President of the All-Ukrainian Public Organization "Vavilov Society of Geneticists and Breeders of Ukraine", Kyiv, Ukraine

Abram KOROL – Doctor of Biological Sciences, Professor of Genetics Institute of Evolution, University of Haifa, Haifa, Israel

Roman VOLKOV – Doctor of Biological Sciences, Professor, Head of the Department of Molecular Genetics and Biotechnology, Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine

Ruslan KALENDAR – PhD, Professor, Senior Research Scientist, University of Helsinki, Helsinki, Finland

Tetiana MARCHENKO – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Head of the Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS, Odesa, Ukraine

Nataliia VOLKOVA – Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher, Department of Crop Breeding, Institute of climate-smart agriculture of NAAS, Odesa, Ukraine

Olena PILIARSKA – Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher, Head of the Marketing and International Relations Department, Institute of climate-smart agriculture of NAAS, Odesa, Ukraine

Materials of II International Scientific and Practical Conference "Molecular Genetics, Breeding and Biotechnology of Agro-Cultures: Achievements and Challenges", Odesa, Ukraine, November 12, 2025. Odesa: ICSA NAAS, 2025. 90 p.

The conference materials contains abstracts of the participants of the II International Scientific and Practical Conference "Molecular Genetics, Breeding, and Biotechnology of Agro-Cultures: Achievements and Challenges." The materials present research on the state of the domestic agro-industrial complex and the practices of leading institutions regarding the effectiveness of the use of modern innovations in molecular genetics, breeding, biotechnology, and artificial intelligence applications.

© Institute of climate-smart agriculture of NAAS, 2025

ЗМІСТ

МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР:
ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ

Вожегова Р.А.

9

Геноміка та генетичне різноманіття рослин Genomics and genetic diversity of plants

ЛІНІЇ-АНАЛОГИ СУЧАСНИХ СОРТІВ М'ЯКОЇ ТА ТВЕРДОЇ ПШЕНИЦІ ЗА АЛЕЛЯМИ
ГЕНІВ RPD-1, ЩО МАЛОПОШИРЕНІ В ПУЛІ СОРТІВ УКРАЇНИ

Погребнюк О.О., Балашова І.А., Файт В.І.

11

ВНЕСОК СЕЛЕКЦІОНЕРІВ ДОСЛІДНОЇ СТАНЦІЇ «МАЯК» ІОБ НААН У
ЗБАГАЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОГО РІЗНОМАНІТТЯ РОСЛИН УКРАЇНИ

Позняк О.В.

14

ГЕНЕТИЧНА ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ ВИДІВ TRITICUM ТА AEGILOPS ЗА ДНК-
МАРКЕРАМИ НА ОСНОВІ ГЕНІВ γ -ТУБУЛІНУ

17

Сахарова В.Г., Блюм Р.Я., Новожилов Д.О., Рабоконь А.М., Пірко Я.В., Блюм Я.Б.
ГЕНОМНА ВАРІАБЕЛЬНІСТЬ ІНТРОННОЇ ОРГАНІЗАЦІЇ ГЕНІВ β -ТУБУЛІНУ У
ПІДВИДІВ BRASSICA RAPA

20

Сахарова В.Г., Рабоконь А.М., Блюм Р.Я.

ДИФЕРЕНЦІЙНА ЕКСПРЕСІЯ ГЕНА, ЩО КОДУЄ РЕГУЛЯТОР ПРОВІДИМОСТІ
ІОНУ ХЛОРИДУ ICLN У НУТУ ПІД ЧАС ПОСУХИ

22

Сліщук Г.І., Волкова Н.Е., Марченко Т.Ю.

В ХРОМОСОМИ У КАРІОТИПІ РОСЛИН DESCHAMPSIA ANTARCTICA,
КУЛЬТИВОВАНИХ IN VITRO

25

Твардовська М.О., Алхімова О.Г., Кунах В.А.

ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ ЯК ОСНОВА АДАПТАЦІЇ РОСЛИН

Шипова О.Ю.

28

ВИКОРИСТАННЯ ILLUMINA СИКВЕНУВАННЯ ДІЛЯНКИ ITS1-2 35S рДНК ДЛЯ
ГЕНЕТИЧНОГО БАРКОДИНГУ ІНВАЗІЙНИХ РОСЛИН РОДУ REYNOUTRIA

Якобишен Д.В., Тинкевич Ю.О., Волков Р.А.

30

Маркер-асоційована селекція сільськогосподарських рослин Marker-assisted breeding of agricultural crops

МОЛЕКУЛЯРНО-МАРКЕРНІ ДОСЛІДЖЕННЯ БАВОВНИКУ: СТАН ТА
ПЕРСПЕКТИВИ

33

Волкова Н.Е.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНА ОЦІНКА АДАПТИВНОГО ПОТЕНЦІАЛУ ГІБРИДІВ
КУКУРУДЗИ ДО ПОСУШЛИВИХ УМОВ СТЕПОВОЇ ЗОНИ УКРАЇНИ

35

Гайдаш О.Л., Негода Т.В., Зубов Д.С.

МАРКЕР-АСОЦІЙОВАНА СЕЛЕКЦІЯ: БІБЛОМЕТРИЧНИЙ АНАЛІЗ

Реліна Л.І., Єгорова Н.Ю., Ожерельєва В.М., Гребенюк І.В.

38

Біотехнології для підвищення продуктивності агрокультур, стійкості до стресів, адаптивності до змін клімату Biotechnologies for enhancing crop productivity, stress resistance, and climate adaptability

НОВА ТЕХНІКА РЕДАГУВАННЯ ГЕНІВ <i>proPE</i> (PRIME EDITING WITH PROLONGED EDITING WINDOW)	42
Волкова Н.Е.	
РЕГУЛЯТОРНА БАЗА ЄС ДЛЯ РОСЛИН, ОТРИМАНИХ ЗА ВИКОРИСТАННЯ НОВИХ ГЕНОМНИХ ТЕХНОЛОГІЙ (NEW GENOMIC TECHNIQUES, NGT)	44
Волкова Н.Е.	
ДИГЕСТАТ ЯК ПОБІЧНИЙ ПРОДУКТ ВИРОБНИЦТВА БІОГАЗУ: ЙОГО БІОТЕХНОЛОГІЧНИЙ ПОТЕНЦІАЛ У ПІДВИЩЕННІ ПРОДУКТИВНОСТІ АГРОКУЛЬТУР	46
Гоман Є.К., Козар М.Ю.	
ГАММА-ПРОМЕНЕВА СТИМУЛЯЦІЯ МІТОТИЧНИХ ПОРУШЕНЬ У КОРЕНЕВИХ КЛІТИНАХ АМАРАНТУ	49
Гудим О.В.	
ДОСЛІДЖЕННЯ ЕФЕКТИВНОСТІ ОКРЕМИХ РЕЧОВИН З АНТИБІОТИЧНОЮ АКТИВНІСТЮ У СИСТЕМІ ЗАХИСТУ ГОРІХУ ВОЛОСЬКОГО ВІД КЛЮЧОВИХ ЗБУДНИКІВ БАКТЕРІАЛЬНОЇ ЕТІОЛОГІЇ	51
Данкевич Л.А., Зарудняк М.І.	
ЕФЕКТИВНІСТЬ АНДРОГЕНЕЗУ <i>IN VITRO</i> ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ЗА ТЕСТУВАННЯ РІЗНИХ РЕГЕНЕРАЦІЙНИХ СЕРЕДОВИЩ	54
Замбрібориц І.С., Шестопал О.Л.	
ВИКОРИСТАННЯ МЕТОДІВ РОСЛИННОЇ БІОТЕХНОЛОГІЇ ДЛЯ ОТРИМАННЯ ПРЕПАРАТІВ З <i>EUCALYPTUS SPP.</i>	57
Зіміна Л.Ю., Глущенко О.М., Полова Ж.М.	
COMPARATIVE TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS OF SALINITY-INDUCED STRESS RESPONSE IN CASSAVA STORAGE ROOTS	60
Ivanovych Ya.	
БІОТЕХНОЛОГІЧНІ ПІДХОДИ ДО ВДОСКОНАЛЕННЯ КУЛЬТУРИ ЛЬОНУ ЗВИЧАЙНОГО (<i>Linum usitatissimum L.</i>) В УМОВАХ <i>IN VITRO</i>	63
Міщенко С.В., Лавриненко Ю.О., Марченко Т.Ю.	
ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF SURFACTANTS SYNTHESIZED BY RHODOCOCCLUS ERYTHROPOLIS IMV Ac-5017 IN THE PRESENCE OF A BIOLOGICAL INDUCER AND PRECURSORS OF PHYTOHORMONE BIOSYNTHESIS	66
Okhmakevych A.M., Pirog T.P.	
СУЧАСНІ БІОТЕХНОЛОГІЧНІ ПІДХОДИ ДО ПІДВИЩЕННЯ СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКА В УМОВАХ КЛІМАТИЧНИХ ВИКЛИКІВ ДНІПРОПЕТРОВЩИНИ	68
Чорнорот О.Ю.	
ВПЛИВ АБІОТИЧНИХ СТРЕСІВ НА ПРОДУКТИВНІСТЬ СОЇ ТА ШЛЯХИ ЇХНЬОЇ МІНІМІЗАЦІЇ ЗА ДОПОМОГОЮ СУЧАСНИХ БІОТЕХНОЛОГІЙ	71
Шевніков М.Я., Стеценко А.Р.	

Використання біоінформатичних підходів та нейромереж («штучний інтелект») як інструментів в сільському господарстві

Application of bioinformatics approaches and neural networks (artificial intelligence) in agriculture

<i>COMPREHENSIVE WEB-BASED PLATFORM FOR ADVANCED PCR DESIGN, GENOTYPING, MOLECULAR DIAGNOSTICS AND SEQUENCE ANALYSIS</i>	74
<i>Kalendar R.</i>	
<i>ПЕРСПЕКТИВИ ВПРОВАДЖЕННЯ ГЕНЕРАТИВНОГО ШІ ДЛЯ ВИЗНАЧЕННЯ ОПТИМАЛЬНИХ ПРАКТИК АГРОУПРАВЛІННЯ</i>	75
<i>Котух Є.В.</i>	
<i>ПОШИРЕНІСТЬ АМІНОКИСЛОТНИХ СИКВЕНСІВ У ВИЩІХ РОСЛИН, ЯКІ ПОДІБНІ СТРУКТУРАМ ХІТИНАЗИ ChiF STREPTOMYCES COELICOLOR A3(2)</i>	78
<i>Поліщук Л.В.</i>	

Молекулярна діагностика та ідентифікація патогенів рослин Molecular diagnostics and identification of plant pathogens

<i>КОЛЕКЦІЯ КУЛЬТУР ФІТОПАТОГЕННИХ БАКТЕРІЙ - ОСНОВА ДІАГНОСТИКИ ТА КОНТРОЛЮ ХВОРОБ АГРОКУЛЬТУР</i>	82
<i>Буценко Л.М., Пасічник Л.А., Гнатюк Т.Т., Житкевич Н.В.</i>	
<i>МОЛЕКУЛЯРНО-МАРКЕРНА ДЕТЕКЦІЯ FUSARIUM OXYSPORUM F. SP. VASINFECTUM У БАВОВНИКУ (GOSSYPIMUM L.)</i>	85
<i>Дроздов Г.І., Сліщук Г.І., Волкова Н.Е.</i>	

МОЛЕКУЛЯРНА ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ ТА БІОТЕХНОЛОГІЯ АГРОКУЛЬТУР: ДОСЯГНЕННЯ ТА ВИКЛИКИ

Вожегова Р.А., доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН
Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Продовольча безпека в умовах швидкого зростання населення, змін клімату, експоненційно зростаючого попиту на продукти харчування є важливішим питанням сьогодення. Продовольча та сільськогосподарська організація ООН (*англ.* Food and Agriculture Organization, FAO) постійно закликає до колективних зусиль для модернізації агропродовольчої системи. Разом із цими перетвореннями необхідно використовувати всі інструменти, які можуть допомогти збільшити продовольчі запаси та покращити харчування.

Вчені постійно розробляють нові підходи, методи, інструменти для підвищення ефективності селекції рослин. Інновації в прецизійній селекції включають як нові цифрові інструменти — датчики, детектори та роботизовані пристрої, що об'єднано з технологіями управління для точного й ефективнішого керування системою виробництва, так і генетичні інструменти - нові методи молекулярної селекції для модифікації та редагування генів.

Історично генетичні дослідження в основному зосереджувалися на ідентифікації та дослідженні спонтанних мутацій. У ХХ столітті продемонстровано, що швидкість мутагенезу можна збільшити за допомогою хімічної або радіаційної обробки, так званого індукованого мутагенезу. Однак методи індукованого мутагенезу призводять до модифікацій геному у випадкових місцях. У 1970-80-х роках перші цілеспрямовані генетичні зміни досягнуто у дріжджів і мишей, але використані методи були малоефективні. Пізніші прогресивні технології редагування генів дозволили провадити цілеспрямовані генетичні маніпуляції майже в усіх типах клітин і організмів. Нещодавні досягнення в редагуванні генів і високопродуктивному аналізі, зокрема секвенування ДНК, дозволили досягти модифікації геному з надзвичайною точністю та специфічністю.

На сьогоднішній день сучасні молекулярно-генетичні технології застосовано до широкого спектру культур, включаючи пшеницю, ячмінь, кукурудзу, бобові, ріпак, томати, цикорій, різні садові рослини, фруктові та лісові дерева, водорості, для покращення таких ознак, як толерантність до дії високих та низьких температур, врожайність, стійкість до хвороб і шкідників, а також для біофортифікації продовольчих культур.

Слід зазначити, що більшість наукових розробок реалізовано у вигляді створених та комерціалізованих сортів рослин. І беззаперечно сучасні біотехнології створення покращених сортів сільськогосподарських культур мають великі перспективи.

Отже, тематика II Міжнародної науково-практичної конференції «Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія агрокультур: досягнення та виклики» є актуальною, а обрані напрями, які висвітлено в доповідях учасників, безумовно є важливими для теорії та практики.

Геноміка та генетичне різноманіття рослин

Genomics and genetic diversity of plants

ЛІНІЙ-АНАЛОГИ СУЧАСНИХ СОРТІВ М'ЯКОЇ ТА ТВЕРДОЇ ПШЕНИЦІ ЗА АЛЕЛЯМИ ГЕНІВ *PPD-1*, ЩО МАЛОПОШИРЕНІ В ПУЛІ СОРТІВ УКРАЇНИ

Погребнюк О.О.

Балашова І.А., кандидат біологічних наук

Файт В.І., доктор біологічних наук

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства і
сортівивчення, м. Одеса, Україна

Ключовою адаптивною ознакою рослин до умов навколишнього середовища є час колосіння. Вплив часу колосіння, як чинника адаптації, багато в чому залежить від регіональних кліматичних умов, в тому числі і фотоперіоду, що є одним із основних природних механізмів, що визначає тривалість періоду до колосіння. Реакція на фотоперіод рослин м'якої пшениці контролюється генами ортологічної серії *Ppd-1*: *Ppd-D1*, *Ppd-B1* і *Ppd-A1*, що локалізовані на коротких плечах хромосом 2 гомологічної групи. Рослини з домінантними алелями генів *Ppd-1* рано колосяться як при скороченій, так і подовженій тривалості дня. Наявність чутливих до фотоперіоду алелів значно затримує колосіння, особливо в умовах скороченого дня [1].

Наразі ідентифіковано три домінантні алелі гена *Ppd-A1*: *Ppd-A1a.1* притаманний генотипам м'якої пшениці [2], *Ppd-A1a.2* і *Ppd-A1a.3* – генотипам твердої пшениці [3], що зумовлюють нечутливість до фотоперіоду та характеризуються наявністю делеції розміром 1085, 1027 і 1117 п.н. відповідно, в промоторній області гена. Рецесивний алель *Ppd-A1b* подібних делецій не має. Аналогічним чином у гена *Ppd-D1* виявлено, як мінімум, чотири різні алеля [4], що виникли в результаті різних мутацій. Однак лише одна мутація, розміром 2089 п.н. у промоторній ділянці гена, зумовлює нейтральну реакцію рослин на фотоперіод (алель *Ppd-D1a*) [5]. У гена *Ppd-B1* було ідентифіковано три домінантні алелі [6], що пов'язані з CNV мутаціями, які зумовлюють збільшення кількості копій функціонального гена. Відомі домінантні дво-, три- та чотирикопійні форми гена *Ppd-B1*, позначені як *Ppd-B1d*, *Ppd-B1a*, *Ppd-B1c* відповідно. Генотипи пшениці з однією копією алеля (*Ppd-B1b*) чутливі до фотоперіоду.

Для визначення відомих алелів генів фотоперіоду розроблено алель-специфічні ПЛР тести, використання яких дозволяє проводити детекцію певних алелів та встановлювати *Ppd-1* генотипи у будь-якому генетичному матеріалі. Використання методів ДНК аналізу для ідентифікації генів *Ppd-1* дозволило з'ясувати, що слабка фотоперіодична чутливість сучасних озимих сортів м'якої пшениці (*Triticum aestivum* L.) України обумовлена присутністю в їхніх генотипах домінантного алеля *Ppd-D1a* [7]. Лише у п'яти озимих сортів додатково до алелі *Ppd-D1a* в генотипі присутній домінантний алель *Ppd-B1c*. Генотипів носіїв алеля *Ppd-B1a* або домінантних алелів гену *Ppd-A1* у вивченій вибірці озимих сортів України виявлено не було.

Цілеспрямоване маніпулювання генетичним різноманіттям за генами *Ppd-1* дозволяє створювати сорти більш пристосовані для вирощування у певних кліматичних умовах. Але використання тих або інших алелів при створенні сортів потребує попереднього вивчення актуальності того чи іншого генотипу для місцевих кліматичних умов, що неможливо без визначення ефектів певних алелів та їхніх різних комбінацій за комплексом ознак. Тому для оцінки селекційної та адаптивної цінності малопоширених алелів генів *Ppd-1* у вибірці озимих сортів України необхідне створення генетично ідентифікованого матеріалу, зокрема ліній-аналогів, для вивчення впливу різних алелів цих генів та їхніх сполучень на темпи розвитку і низку інших господарсько цінних ознак.

Для створення ліній-аналогів м'якої та твердої пшениці за новими маловідомими у пулі сортів півдня України алелями генів *Ppd-B1* та *Ppd-A1* в якості рекурентного батька використовували сильно чутливі до фотоперіоду сорти твердої озимої пшениці СГІ-НЦНС Лагуна, Золоте руно та стародавній, посухостійкій сорт м'якої пшениці – Чайка, а також слабо чутливий до фотоперіоду – носій гена *Ppd-D1a* сорт Антонівка. В якості донорів алеля *Ppd-B1a* використовували ярі сорти м'якої пшениці Етюд, Елегія миронівська, *Ppd-B1c* - Norin 29, Струна миронівська, *Ppd-A1a.3* – ярий сорт твердої пшениці Метиска та *Ppd-A1a.2* – сорт дворучка твердої пшениці Мельреурі [8]. Проведено схрещування сортів м'якої пшениці Чайка та Антонівка і сортів твердої пшениці Лагуна та Золоте руно з донорами генів *Ppd-1* та наступне насичення гібридів F_1 та BC_{1-3} відповідним рекурентним батьком. На кожному етапі (BC_1 , BC_2 , BC_3 , BC_4) всі рослини ідентифікували на наявність цільового алеля (*Ppd-A1a.2*, *Ppd-A1a.3*, *Ppd-B1a*, *Ppd-B1c*, *Ppd-D1a*) за відповідними ДНК маркерами і тільки ці рослини використовували для наступного схрещування (BC_{1-3}) або самозапилення (BC_1 , BC_2 , BC_3 , BC_4). Використавши таку методику, на сьогодні за більшістю комбінацій схрещування було одержано BC_3 лінії-аналоги сортів м'якої та твердої пшениці за домінантними алелями генів *Ppd-B1* і *Ppd-A1*, за виключенням комбінації Антонівка / Елегія миронівська // Антонівка, де одержано лінії покоління BC_4 . В поколінні BC_4I_2 цієї комбінації та BC_2I_2 - Антонівка / Norin 29 // Антонівка дібрано гомозиготні індивідуальні рослини, що є носіями комбінації алелів *Ppd-D1a Ppd-B1a* та *Ppd-D1a Ppd-B1c*, відповідно, для майбутнього визначення ефектів взаємодії алеля *Ppd-D1a* та *Ppd-B1a* або *Ppd-D1a* та *Ppd-B1c*.

Література:

1. Kumar S., Sharma V., Chaudhary S. et al. Genetics of flowering time in bread wheat *Triticum aestivum*: Complementary interaction between vernalization-insensitive and photoperiod-insensitive mutations imparts very early flowering habit to spring wheat. *J. Genet.* 2012. Vol. 91. P. 33–47. doi: 10.1007/s12041-012-0149-3
2. Nishida H., Yoshida T., Kawakami K. et al. Structural variation in the 5' upstream region of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-A1a* and *Ppd-B1a* identified in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.), and their effect on heading time. *Mol Breed.* 2013, Vol. 31. № 1. P. 27-37. doi: 10.1007/s11032-012-9765-0

3. Wilhelm E.P., Turner A.S., Laurie D.A. Photoperiod insensitive *Ppd-A1a* mutations in tetraploid wheat (*Triticum durum* Desf.). *Theor. Appl. Genet.* 2009. Vol. 118, № 2. P. 285-294. doi:10.1007/s00122-008-0898-9
4. Guo Z., Song Y., Zhou R. et al. Discovery, evaluation and distribution of haplotypes of the wheat *Ppd-D1* gene. *New Phytol.* 2010. Vol. 185, № 3. P. 841-851. doi: 10.1111/j.1469-8137.2009.03099.x
5. Beales J., Turner A., Griffiths S. et al. Pseudo-response regulator is misexpressed in the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* mutant of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 2007. Vol. 115, № 5. P. 721-733. doi:10.1007/s00122-007-0603-4
6. Cane K., Eagles H.A., Laurie D.A. et al. *Ppd-B1* and *Ppd-D1* and their effects in southern Australian wheat. *Crop and Pasture Sci.* 2013. Vol. 64, № 2. P. 100-114.
7. Fait V.I., Balashova I.A. Distribution of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-D1a*, *Ppd-B1a*, and *Ppd-B1c* in winter common wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) of various origin. *Cytol. & Genet.* 2022. Vol. 56, № 2. P. 109-117. doi: 10.3103/S0095452722020049
8. Balashova I.A., Fait V.I. Allele frequencies of *Ppd-D1a*, *Ppd-B1a*, and *Ppd-B1c* of photoperiodic sensitivity genes in spring bread wheat varieties (*Triticum aestivum* L.) of various origin. *Agricultural science and practice.* 2021. Vol. 8, № 1. P. 3-13. doi: 10.15407/agrisp8.01.003

**ВНЕСОК СЕЛЕКЦІОНЕРІВ ДОСЛІДНОЇ СТАНЦІЇ «МАЯК»
ІОБ НААН У ЗБАГАЧЕННЯ ГЕНЕТИЧНОГО РІЗНОМАНІТТЯ
РОСЛИН УКРАЇНИ**

Позняк О.В.

Дослідна станція «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН,
с. Крути, Чернігівська обл., Україна

Упродовж останніх трьох десятирічь важливим напрямом досліджень на Дослідній станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН була і залишається на сьогодні селекція малопоширених культур овочевого напрямку використання. Враховуючі сучасні запити вітчизняного аграрного ринку, проведення системних селекційних досліджень з малопоширеними видами овочевих рослин має на меті вирішення декілька супутніх та взаємопов'язаних задач: розширення первинних генетичних колекцій та виділення на їх основі цінних джерел господарсько-цінних ознак; створення високопродуктивних сортів з високим адаптивним потенціалом до органічних технологій вирощування та з цінним комплексом споживчих властивостей; стала інтродукція і залучення у селекційний процес нових видів овочевих рослин для їх імпортозаміщення і незалежності від постачання насіннєвого матеріалу з-за кордону [1]. Підсумком наукової діяльності є розширення сортименту для використання у вітчизняному промисловому овочівництві та приватному секторі, а також збагачення вітчизняного Генбанку у Національному центрі генетичних ресурсів рослин України та залучення отриманих новітніх форм у селекційний процес [2]. Науково-дослідну роботу в цьому напрямі проводили співробітники О.В. Позняк, Д.О. Кривець, Л.В. Чабан, Ю.В. Ткалич, Л.П. Фесенко, О.І. Касян та інші [3].

В установі проводиться постійний пошук, добір і вивчення культивованого і дикорослого рослинного матеріалу - донорів і джерел господарсько-цінних ознак та властивостей. Досягнуто значних результатів у напрямі дослідження і використання в овочівництві індукованого (фізичного і хімічного) мутагенезу, зокрема за використання відповідних методів створено 7 ліній салату посівного [4]. На сьогодні створено більше 100 сортів, гібридів та ліній малопоширених овочевих рослин, внесених до Державного реєстру сортів рослин, придатних для поширення в Україні, та зареєстрованих в Національному центрі генетичних ресурсів рослин України. Сорти овочевих і малопоширених видів рослин, створені в установі, є високопродуктивними, з поліпшеним біохімічним складом, адаптовані до вирощування в умовах Північного Лісостепу і Полісся України, мають лікувально-профілактичні та протекторні властивості, переважно універсального використання, вирізняються тривалими періодами господарської придатності і зберігання, придатні для промислової переробки, до механізованих технологій вирощування і збирання, тобто характеризуються ознаками, що визначають конкурентоспроможність товарної продукції, користуються постійним та зростаючим попитом у виробників плодів та товарного насіння в господарствах різних форм власності та переробних підприємств в усіх регіонах

України [5]. Науковці установи приймали активну участь у розробленні Галузевої програми «Малопоширені овочеві культури – 2025» [6].

Результати досліджень щодо збагачення вітчизняного генофонду зразками малопоширених овочевих рослин, створеними в установі, суттєві: у Національному центрі генетичних ресурсів рослин України на сьогодні зареєстровані 75 зразків, створених та/або відібраних на Дослідній станції «Маяк» ІОБ НААН за 30 років досліджень у цьому напрямі: зразки належать до 29 ботанічних видів 12 родин і представлені сортами, лініями, селекційними популяціями, місцевими та дикими формами. У 2025 р. 2 зразки малопоширеного виду – мласкавця колоскового (овочевого) проходять відповідну науково-технічну експертизу в НЦГРРУ, ще 10 зразків – ліній та джерел цінних господарських показників та морфолого-ідентифікаційних ознак будуть передані для проведення експертизи. Інтродукційно-селекційна робота з малопоширеними видами овочевих рослин в установі триває.

Отже, упродовж 30 років науковці Дослідної станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН виконували і продовжують виконувати дослідження щодо створення широкого асортименту однорічних та багаторічних малопоширених (зеленні, пряно-смакові, пряно-ароматичні, делікатесні) овочевих культур як для освоєння в господарствах різних форм власності і господарювання, так і для збагачення вітчизняного генетичного різноманіття рослин.

Література:

1. Kondratenko S., Pozniak O. Expansion of the gene pool of varieties of underutilized vegetable plant species suitable for organic cultivation technologies. Chapter «Agricultural sciences». *Directions for the development of science in the context of global transformations* : Scientific monograph. Riga, Latvia : Baltija Publishing, 2025. 836 p. DOI: <https://doi.org/10.30525/978-9934-26-562-4>. P. 124-154.
2. Позняк О. Дослідна станція «Маяк» у Крутах: становлення і науково-історичний аналіз перших результатів проведених досліджень. *Ніжинська старовина: Збірник регіональної історії та пам'яткознавства*. Серія: «Пам'яткознавство Північно-Східного регіону України». Ніжин: ПП Лисенко М.М., 2022. Випуск 30 (33). № 15. С. 55-71.
3. Позняк О. В. Основні напрями наукових досліджень Дослідної станції «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН від створення до сьогодення: науково-історичний аналіз. *Аграрна наука і освіта: історичний екскурс, сучасна парадигма, стратегія розвитку*: Матеріали V Міжнародної науково-практичної конференції (у рамках VIII наукового форуму «Науковий тиждень у Крутах – 2023», 3 березня 2023 р., с. Крути, Чернігівська обл.). / ДС «Маяк» ІОБ НААН. Обухів: Друкарня ФОП Гуляєва В.М., 2023. С. 187-209.
4. Чабан Л. В., Позняк О. В., Касян О. І., Кондратенко С. І. Збагачення генофонду салату посівного листового (*Lactuca sativa* var. *secalina* L.) методом індукованого мутагенезу. *Основні, малопоширені і нетрадиційні види рослин – від вивчення до освоєння (сільськогосподарські і біологічні науки)*: Матеріали VI

Слава Україні!

Міжнародної науково-практичної конференції (у рамках VII наукового форуму «Науковий тиждень у Крутах – 2022», 3 березня 2022 р., с. Крути, Чернігівська обл.) / ДС «Маяк» ІОБ НААН: у 2 т. Обухів: Друкарня ФОП Гуляєва В.М., 2022. Т. 2. С. 339-343.

5. Позняк О. В. Поповнення Генбанку рослин України зразками малопоширених овочевих культур селекції Дослідної станції «Маяк» ІОБ НААН: результати досліджень упродовж 1994-2024 рр. *Науково-інноваційний розвиток агровиробництва як запорука продовольчої безпеки України: вчора, сьогодні, завтра*: матеріали VII Всеукраїнської науково-практичної конференції, Київ, 16–17 квітня 2025 р. / НААН, ННСГБ, Ін-т історії аграр. науки, освіти та техніки, Ін-т с.-г. Степу НААН. Вінниця : Нілан-ЛТД, 2025. С. 162-164.

6. Галузева програма «Малопоширені овочеві культури – 2025» (науковий аспект). Харків: ТОВ ВП «Плеяда», 2017. 100 с.

ГЕНЕТИЧНА ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ ВИДІВ *TRITICUM* ТА *AEGILOPS* ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ НА ОСНОВІ ГЕНІВ γ -ТУБУЛІНУ

Сахарова В.Г., доктор філософії у галузі біології

Блюм Р.Я.

Новожилов Д.О., кандидат біологічних наук

Рабоконь А.М., кандидат біологічних наук

Пірко Я.В., доктор біологічних наук, старший науковий співробітник

Блюм Я.Б., доктор біологічних наук, професор

ДУ «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України»,

м. Київ, Україна

Пшениця (*Triticum* sp.) є однією з найважливіших зернових культур у світі. Вважається, що жодна сільськогосподарська культура не представлена таким різноманіттям сортів та видів як пшениця [1]. Однією з основних цілей культивування пшениці є отримання харчових продуктів, саме тому актуальним є розроблення методів швидкої ідентифікації видового складу зерна. Окрім таких досліджень пшениці, доцільним є вивчення близькоспоріднених родів, зокрема роду *Aegilops*, представники якого відіграли значущу роль в еволюції та одомашненні пшениці [2].

Враховуючи зазначене вище, метою дослідження було отримання ДНК-профілів за допомогою власноруч розроблених маркерів на основі генів γ -тубуліну, які б були специфічними для розрізнення видів родів *Triticum* та *Aegilops*. Для цього в дослідженні було проаналізовано сорти пшениці м'якої та пшениці твердої, а також інші види пшениці та егілопсу. Геномну ДНК виділяли за допомогою набору DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN, Німеччина). ПЛР-ампліфікацію проводили з використанням власноруч розроблених вироджених праймерів до інтронів генів γ -тубуліну та до ділянок, що охоплюють послідовності до 1-го, 6-го та 9-го інтронів генів γ -тубуліну. Отримані ДНК-фрагменти розділяли в 6%-му неденатуруючому поліакриламідному гелі та аналізували за допомогою програми GelAnalyzer (www.gelalyzer.com/).

Спершу нами було апробовано вироджені праймери до генів γ -тубуліну. На електрофореграмі (рис. 1) продемонстровано фрагменти, що знаходяться в діапазоні від 700 п. н. до 1200 п. н. При цьому у сортів пшениці твердої в ході ампліфікації утворюється 2 амплікони довжиною 705 п. н. та 1040 п. н., а в пшениці м'якої у сортів Колективна, Харківська 26, Харківська 30, Елегія – 3 фрагменти: 705 п. н., 840 п. н. та 935 п. н.; у сортів Миронівська 808 та Безоста 1 – 4 фрагменти: 705 п. н., 840 п. н., 935 п. н. та 1140 п. н. При дослідженні за допомогою цієї маркерної системи зразки видів егілопсу не вдалося диференціювати між собою, адже для всіх зразків характерним є утворення одного фрагменту ДНК довжиною 705 п. н. При цьому у всіх зразків спостерігаються ще два високомолекулярні амплікони – 1400 п. н. та 1660 п. н., які вірогідно можуть бути димерами цільового продукту. Показовим є те, що у зразків егілопсу в ході ампліфікації утворюється ідентичний за розміром

фрагмент до такого ж у пшениці, що додатково підтверджує спорідненість пшениці та егілопсу.

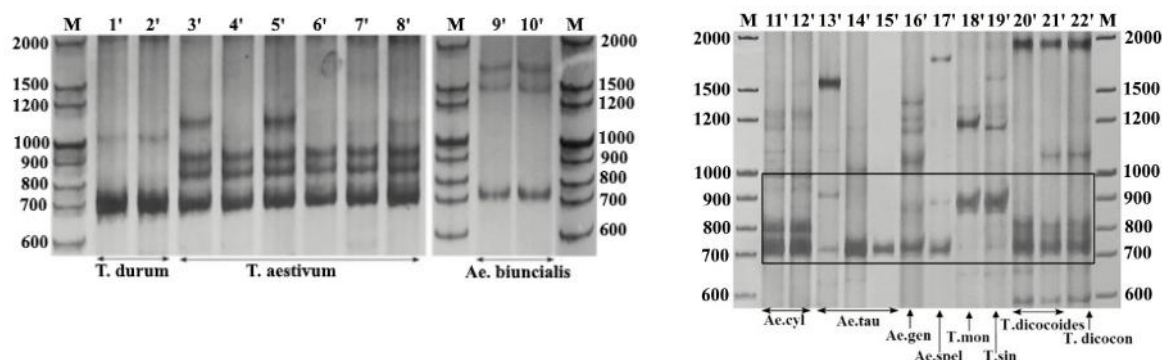


Рис. 1. Молекулярні профілі генотипів: *Triticum durum* (1'-2'), *T. aestivum* (3'-8'), *Aegilops biuncialis* (9'-10'), *Ae. cylindrica* (11'-12'), *Ae. tauschii* (13'-15'), *Ae. geniculata* (16'), *Ae. speltoides* (17'), *T. monococcum* (18'), *T. sinskajae* (19'), *T. dicocoides* (20'-21'), *T. dicoccon* (22'), отримані за допомогою вироджених праймерів до інтронів генів γ -тубуліну. 1'-22' – номери зразків; М – ДНК – маркер «100bp Ladder»

З метою більшої диференціації зразків пшениці та егілопсу нами було використано ДНК-маркери на основі 1-го, 6-го та 9-го інтронів генів γ -тубуліну. При аналізі зразків за допомогою маркерів на основі 1-го інтрону гену γ -тубуліну цільові амплікони було виявлено в діапазонах 1000-1200 п.н.; для 6-го інтрону – 400-500 п.н. та 600-700 п.н.; для 9-го – 200-300 п.н. та 400-500 п.н (рис. 2). Для 1-го інтрону γ -тубуліну (рис 2а) у зразках пшениці твердої утворюється 2 амплікони довжиною 1028 п.н. та 1173 п.н. В той же час, сорти м'якої пшениці також мають 2 амплікони: 1072 п.н. та 1173 п.н., при цьому останній є спільним зі зразками твердої пшениці. Види *Ae. sharonensis* та *Ae. longissimi* мають фрагмент розміром 1088 п.н. Інші зразки роду *Aegilops* мають свій унікальний амплікон (*Ae. tauschii* – 1097 п.н., *Ae. bicornis* – 1080 п.н., *Ae. speltoides* – 1063 п.н., *Ae. searsii* – 1113 п.н.). Для *T. speltoides* характерними виявились амплікони 1057 та 1161 п.н., для *T. monococcum* – 1057 п.н., а *T. dicoccon* – 1040 та 1149 п.н.

При аналізі 6-го інтрону гену γ -тубуліну (рис.2b) зразок *T. monococcum* мав унікальний фрагмент довжиною 617 п.н. Також відрізнявся від інших зразок *T. dicoccon*, що мав амплікон довжиною 692 п.н. Зразок *T. speltoides* утворює спільний амплікон з 3 зразками *T. durum* (413 п.н.). В той же час, один спільний фрагмент мають зразки твердої і м'якої пшениці (407 п.н.). Загалом, у зразків твердої пшениці утворилися 2 фрагменти (407 п.н., 413 п.н.), як і у м'якої (407 п.н., 418 п.н.). Що стосується зразків егілопсу, то зразки майже не виявляли ознак подібного поліморфізму. Так, тільки *Ae. tauschii* та *Ae. searsii* мають фрагмент довжиною 410 п.н., інші ж види (*Ae. sharonensis*, *Ae. longissimi*, *Ae. bicornis*, *Ae. speltoides*) мають спільний амплікон довжиною 405 п.н.

За 9-м інтроном γ -тубуліну унікальні амплікони довжиною 233 п.н. мали зразки *Ae. sharonensis* та *Ae. longissimi* (рис.2с), також тільки у них не було фрагменту, що присутній у всіх інших зразків – 585 п.н. Інші види егілопсу (*Ae. tauschii*, *Ae. bicornis*, *Ae. speltoides*, *Ae. searsii*) мають фрагмент довжиною 500

п.н. У зразків пшениці м'якої утворюється 4 фрагменти: 494 п.н., 528 п.н., 540 п.н., 585 п.н., у пшениці твердої – 2 амплікони: 494 п.н. та 585 п.н. Цікаво, що профіль *T. speltoides* співпадав з профілем пшениці м'якої, при цьому у *T. monosocum* утворився 1 фрагмент довжиною 494 п.н., у *T. dicocum* – 2 фрагменти – 469 та 590 п.н.

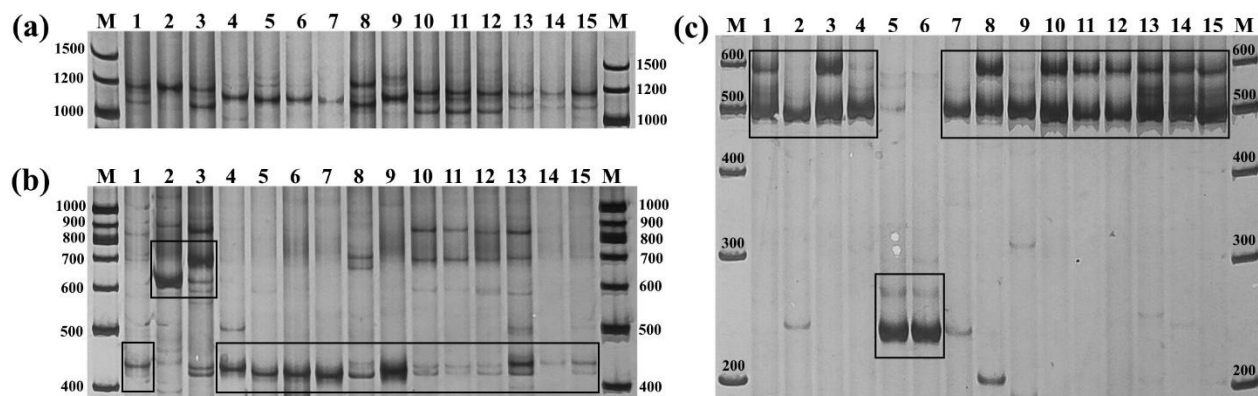


Рис. 2. Молекулярно-генетичні профілі пшениці та егілопсу, отримані за допомогою праймерів до 1-го (а), 6-го (б) та 9-го (с) інтронів генів γ -тубуліну; 1-15 – номери зразків: *T. speltoides*, *T. monosocum*, *T. dicocum*, *Ae. tauschii*, *Ae. sharonensis*, *Ae. longissimi*, *Ae. bicornis*, *Ae. speltoides*, *Ae. searsii*, *T. durum* (сорт Харківська 39, Континент, Буриштин), *T. aestivum* (сорт Деметра, Антонівка, Chinese Spring); М – ДНК-маркер «100bp Ladder». Прямокутниками позначені цільові амплікони

Таким чином, при використанні вироджених праймерів до інтронів γ -тубуліну, успішно диференціювалися тверді та м'які сорти пшениці, однак, різні види егілопсу продемонстрували високу подібність ампліфікованих фрагментів. Найкраще розділилися зразки егілопсу за ДНК-маркером на основі 1-го інтрону γ -тубуліну, також за цим маркером всі представники різних видів пшениці мали свої унікальні амплікони. За маркером на основі 9-го інтрону γ -тубуліну зразки пшениці м'якої мали найбільше унікальних фрагментів. Отримані дані свідчать про успішність застосування усіх ДНК-маркерів на основі γ -тубуліну для ідентифікації видів роду *Triticum* та *Aegilops*.

Робота виконана в рамках проєкту «Баркодинг ДНК на основі генів тубулінів: автентифікація видів пшениці та споріднених зернових культур у харчових продуктах» (2024-2025, № 0124U002378).

Література:

1. Dinu M., Whittaker A., Pagliai G., Benedettelli S., Sofi F. Ancient wheat species and human health: Biochemical and clinical implications. *The Journal of nutritional biochemistry*. 2018. Vol. 52, P. 1–9. DOI: 10.1016/j.jnutbio.2017.09.001.
2. Kou H., Zhang Z., Yang Y., Wei C., Xu L., Zhang G. Advances in the mining of disease resistance genes from *Aegilops tauschii* and the utilization in wheat. *Plants*. 2023. Vol. 12. No 4. P. 880. DOI: 10.3390/plants12040880

ГЕНОМНА ВАРІАБЕЛЬНІСТЬ ІНТРОННОЇ ОРГАНІЗАЦІЇ ГЕНІВ β-ТУБУЛІНУ У ПІДВИДІВ *BRASSICA RAPA*

Сахарова В.Г., доктор філософії у галузі біології

Рабоконь А.М., кандидат біологічних наук

Блюм Р.Я.

ДУ «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України»,
м. Київ, Україна

Суріпиця (*Brassica rapa*) є однією з економічно найважливіших культур серед Хрестоцвітих, завдяки її широкому використанню як олійної, харчової, кормової та технічної (зокрема, біоенергетичної) рослини [1, 2]. Селекційне вдосконалення цієї поліплоїдної культури з гетерогенною структурою геному вимагає залучення великого об'єму різноманітних генетичних ресурсів, тому для найбільш успішного їх застосування необхідно враховувати рівень генетичного поліморфізму використовуваних генотипів та/або підвидів *B. rapa* [3, 4].

У даному дослідженні здійснено повногеномну ідентифікацію генів родини тубулінів у різних підвидів *B. rapa* (на основі 8 доступних збірок геномів). Особливу увагу приділено β-тубулінам, які формують найбільш чисельну й варіабельну підродину генів тубуліну, що зумовлює їх значний потенціал для використання як молекулярних маркерів [5]. Проведений аналіз включав дослідження структурної організації генів (екзон-інтронна будова, хромосомна локалізація), а також встановлення їх ортологічних співвідношень і еволюційних зв'язків, спираючись на дані серії філогенетичних аналізів та повногеномних порівнянь.

Також, нами було виявлено, що гени деяких ізотипів тубуліну характеризуються підвищеним рівнем інтронної варіації, зумовленим у тому числі наявністю мікросателітних послідовностей. Спираючись на отриману інформацію щодо варіабельності інтронних послідовностей генів β-тубуліну, нами було здійснено оцінку поліморфізму довжини 1-го (ТВР) та 2-го (сТВР) інтронів β-тубуліну [1, 2]. За допомогою комбінованого ТВР/сТВР-аналізу нам вдалося не лише диференціювати різні таксономічні групи сортів *B. rapa*, а також прослідкувати походження окремих селекційних форм гібридної суріпиці [2].

Одержані дані поглиблюють розуміння геномної еволюції тубулінів у малих таксономічних групах, а також окреслюють можливу міру варіації послідовностей цих генів в межах окремого виду, зокрема суріпиці. Також, результати дослідження сприяють створенню ефективної системи ДНК-маркерів для ефективного генотипування *B. rapa* для вдосконалення та виведення адаптивних та високопродуктивних генотипів суріпиці й інших культурних Хрестоцвітих.

Дослідження виконано в рамках проєкту Науково-дослідних робіт молодих вчених НАН України «Геномна еволюція родини генів тубуліну у різних підвидів *Brassica rapa*» (Державний реєстраційний номер 0125U002944), (2025-2026 рр.).

Література:

1. Blume R.Ya., Rabokon A.N., Pirko Ya.V. β -tubulin intron length polymorphism among forms var. *glabra* and var. *laxa* of napa cabbage. *Factors of Experimental Evolution of Organisms*. 2020. Vol. 26. P. 87-92. DOI: 10.7124/FEEO.v26.1247
2. Rabokon A.M., Blume R.Y., Sakharova V.G., Chopei M.I., Afanasieva K.S., Yemets A.I., Rakhmetov D.B., Pirko Y.V., Blume Y.B. Genotyping of interspecific *Brassica rapa* hybrids implying β -tubulin gene intron length polymorphism (TBP/cTBP) assessment. *Cytology and Genetics*. 2023. Vol. 57, no. 6. P. 538–549. DOI: 10.3103/S0095452723060075
3. Cheng F., Wu J., Cai C., Fu L., Liang J., Borm T., Zhuang M., Zhang Y., Zhang F., Bonnema G., Wang X. Genome resequencing and comparative variome analysis in a *Brassica rapa* and *Brassica oleracea* collection. *Scientific Data*. 2016. Vol. 3. P. 160119. DOI: 10.1038/sdata.2016.119
4. Zhang L., Cai X., Wu J., Liu M., Grob S., Cheng F., Liang J., Cai C., Liu Z., Liu B., Wang F., Li S., Liu F., Li X., Cheng L., Yang W., Li M. H., Grossniklaus U., Zheng H., Wang X. Improved *Brassica rapa* reference genome by single-molecule sequencing and chromosome conformation capture technologies. *Horticulture Research*. 2018. Vol. 5. P. 50. DOI: 10.1038/s41438-018-0071-9
5. Breviario D., Gianì S., Morello L. Multiple tubulins: evolutionary aspects and biological implications. *The Plant Journal*. 2013. Vol. 75. P. 202-218. DOI: 10.1111/tpj.12243

ДИФЕРЕНЦІЙНА ЕКСПРЕСІЯ ГЕНА, ЩО КОДУЄ РЕГУЛЯТОР ПРОВІДИМОСТІ ІОНУ ХЛОРИДУ *ICLN* У НУТУ ПІД ЧАС ПОСУХИ

Сліщук Г.І., кандидат біологічних наук

Волкова Н.Е., доктор біологічних наук, старший науковий співробітник

Марченко Т.Ю., доктор сільськогосподарських наук, професор

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Нут (*Cicer arietinum* L.) є важливим джерелом високоякісного білка, харчових волокон, складних вуглеводів та мікронутрієнтів, таких як залізо (Fe), цинк (Zn), фолати, магній (Mg) і вітаміни групи B. Завдяки високій поживній цінності та добрій біодоступності білкових сполук, нут займає провідне місце серед бобових культур і відіграє значну роль у формуванні збалансованих рослинних раціонів, зокрема вегетаріанських [1].

Вирощування нуту набуває стратегічного значення у забезпеченні глобальної продовольчої безпеки, проте його продуктивність істотно залежить від кліматичних умов. Серед основних загроз вирізняються посушливі періоди та підвищені температури, які можуть призводити до зниження врожайності культури до 50 % та погіршення показників якості насіння [2].

Методи молекулярної біології та генетики відіграють вирішальну роль у створенні посухостійких сортів нуту, оскільки дають змогу ідентифікувати та картувати гени, залучені до формування толерантності до водного дефіциту. Важливим науковим досягненням стало виявлення QTL-«hotspot» на хромосомі CaLG04, який містить гени, що контролюють розвиток кореневої системи, ефективність використання води та збереження врожайності за умов посушливого стресу [3].

Йони хлориду відіграють ключову роль у толерантності рослин до посухи, підвищуючи утримання води, осморегуляцію та сигнальні процеси на молекулярному рівні. Хлорид (Cl^-) виступає основним осмотично активним розчинним компонентом у вакуолях рослин, допомагаючи підтримувати тургор клітин і вміст води під час посухи. На рівні макроелемента Cl^- знижує осмотичний потенціал, що призводить до підвищення тканинного тургору та збільшення здатності до накопичення води — важливого чинника для аклімації до посухи та стійкості до зневоднення клітин. Крім того, Cl^- стимулює активність тонопластної АТФази, сприяючи компартменталізації йонів і додатково підвищуючи утримання води [4].

Хлоридне живлення знижує продихову провідність без зменшення швидкості фотосинтезу, що підвищує внутрішню ефективність використання води (WUE_i). Такий ефект пов'язаний із компенсаторним зростанням мезофільної провідності та покращенням дифузії CO_2 , що підтримує фотосинтетичну активність за умов водного дефіциту. Канали хлориду (CLC), такі як OsCLC1 у рису, активуються під впливом посухи та фітогормонів (АБК, ЖК), забезпечуючи підтримання йонного гомеостазу, тургору клітин і регуляцію експресії генів, відповідальних за реакцію на посуху. Надекспресія OsCLC1

підвищує толерантність і врожайність за посухи, тоді як втрата його функції знижує обидва показники³. Cl^- також бере участь в електричному сигналі та взаємодіє зі стресовими сигнальними шляхами, включно з абсцизовою кислотою та абсцизовою кислотою [5]

Для аналізу диференційної експресії генів нами використано 12 транскриптомів двох контрастних за реакцією на посуху генотипів нуту [6]: Desi PI598080 (чутливий до водного дефіциту) та Kabuli Flip07-318C (посухостійкий). Обидва генотипи досліджувалися за контрольних умов (без стресу) та за умов моделювання посушливого стресу.

Для аналізу диференційної експресії використано транскрипт мРНК XM_004506301.4 (PREDICTED: *Cicer arietinum* chloride conductance regulatory protein ICln, LOC101504720), тоді як NM_001365163.1 (*Cicer arietinum* elongation factor 1-alpha, EF1A) слугував референтним геном для нормалізації експресійних даних. Побудову індексів мРНК та вирівнювання з референсним геномом здійснювали за допомогою програмного забезпечення Bowtie2 [7].

Для оцінки статистично значущих відмінностей у рівнях експресії між генотипами та умовами вирощування було проведено двофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA) у програмному середовищі R (версія 4.5.2) [8]. У моделі враховували основні ефекти факторів «генотип» та «умови», а також їхню взаємодію. Результати вважали статистично значущими при $p < 0.05$. Для порівняння середніх значень між групами застосовували пост-хок тест TukeyHSD() із пакета stats.

Проведено двофакторний дисперсійний аналіз для оцінки впливу генотипу (Kabuli Flip07-318C проти Desi PI598080), умови (контроль проти стресу) та їх взаємодії на досліджувану ознаку. Аналіз показав достовірний основний ефект генотипу ($F_{1,8} = 5.35$, $p = 0.0495$), що свідчить про різницю середніх значень між генотипами Kabuli Flip07-318C та Desi PI598080. Натомість умова не мала значущого впливу ($F_{1,8} = 0.08$, $p = 0.787$), так само як і взаємодія «генотип $\times$ умова» ($F_{1,8} = 0.79$, $p = 0.401$), що вказує на подібну реакцію обох генотипів на стрес.

Подальше порівняння за тестом Тьюкі (Tukey's HSD) підтвердило достовірну різницю між генотипами Kabuli Flip07-318C та Desi PI598080 ($p = 0.0495$), при цьому Kabuli Flip07-318C характеризувався дещо нижчими середніми значеннями. Значущих відмінностей між контрольними та стресовими умовами ($p = 0.787$) або між комбінаціями взаємодії ($p > 0.18$) не виявлено.

Література:

1. Kaur R., Prasad K. Technological, processing and nutritional aspects of chickpea (*Cicer arietinum*) – A review. Trends in Food Science and Technology. 2021. Vol. 109. P. 448–463. DOI: 10.1016/j.tifs.2021.01.044.
2. Rani A., Devi P., Jha U., Sharma K., Siddique K., Nayyar H. Developing climate-resilient chickpea involving physiological and molecular approaches with a focus on temperature and drought stresses. Frontiers in Plant Science. 2020. Vol. 10. DOI: 10.3389/fpls.2019.01759.

3. Varshney R., Thudi M., Nayak S., Gaur P., Kashiwagi J., Krishnamurthy L., Jaganathan D., Koppolu J., Bohra A., Tripathi S., Rathore A., Jukanti A., Jayalakshmi V., Vemula A., Singh S., Yasin M., Sheshshayee M., Viswanatha K. Genetic dissection of drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*. 2013. Vol. 127. P. 445–462. DOI: 10.1007/s00122-013-2230-6.
4. Franco-Navarro J., Díaz-Rueda P., Rivero-Núñez C., Brumós J., Rubio-Casal A., De Cires A., Colmenero-Flores J., Rosales M. Chloride nutrition improves drought resistance by enhancing water deficit avoidance and tolerance mechanisms. *Journal of Experimental Botany*. 2021. Vol. 72. P. 5246–5261. DOI: 10.1093/jxb/erab143.
5. Yang Y., Yang C., Zheng J., Xu L., Yao N. Chloride salt enhances plant resistance to biotic stresses. *Frontiers in Plant Science*. 2024. Vol. 15. DOI: 10.3389/fpls.2024.1385164.
6. Negussu M., Karalija E., Vergata C. et al. Drought tolerance mechanisms in chickpea (*Cicer arietinum* L.) investigated by physiological and transcriptomic analysis. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0098847223002836>
7. Langmead B., Salzberg S. L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*. 2012. Vol. 9, No. 4. P. 357–359. DOI: 10.1038/nmeth.1923.
8. R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. URL: <https://www.R-project.org>

В ХРОМОСОМИ У КАРІОТИПІ РОСЛИН *DESCHAMPSIA ANTARCTICA*, КУЛЬТИВОВАНИХ *IN VITRO*

Твардовська М.О., кандидат біологічних наук, старший дослідник

Алхімова О.Г., кандидат біологічних наук, старший дослідник

Кунах В.А., доктор біологічних наук, професор

Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ, Україна

На сьогодні В хромосоми знайдені у понад 3000 видів рослин, тварин та грибів, що робить їх одними з найцікавіших компонентів геному [1–3]. Основна складність у дослідженні В хромосом полягає в тому, що їхня наявність є не обов'язковою і у більшості видів вони присутні не у кожного організму і не в усіх популяціях, і навіть не в усіх клітинах одного й того самого організму. У більшості випадків В хромосоми мають власний генетичний матеріал і не піддаються рекомбінації з А хромосомами. Як правило, В хромосоми містять кластери генів рибосомної РНК, серед яких частина є транскрипційно активною [1]. Їх кількість у більшості видів у природних популяціях є невеликою (0–5), проте в деяких рослинах В хромосом може бути більше [1, 4].

Відомо, що у багатьох видів рослин В хромосоми виникають внаслідок порушення функціональної активності центромер, що може статися під дією іонізуючого опромінення, хімічних мутагенів та за дії стресових факторів навколишнього середовища [1]. Одним із видів, що пристосувався до жорстких умов Антарктики (низькі температури, посуха, високий рівень УФ-випромінювання) є *Deschampsia antarctica* Ё. Desv. Для цього, у виду є механізми, які дозволяють виживати та фотосинтезувати за таких екстремальних умов [5, 6]. Геномна мінливість якраз і допомагає рослинам у цьому.

Раніше ми дослідили колекцію рослин *in vitro* *D. antarctica*, яка налічує 22 генотипи, отримані з насіння з різних локалітетів Морської Антарктики і підтримується у відділі генетики клітинних популяцій ІМБГ НАНУ. Вперше знайдено нові хромосомні форми цього виду: диплоїд з В хромосомами DAR12 ($2n=26+0-3V$), гіпотриплоїд з Робертсонівською транслокацією Y66 ($2n=36-39$) та міксоплоїд Y67 (з числами хромосом від 13 до 38 і модальним класом $2n=26$) [7, 8].

Одним із цікавих генотипів виявився DAR12, отриманий з насіння зібраного на острові Дарбо. У частини проаналізованих рослин цього генотипу, вирощуваних *in vitro*, в апікальній меристемі корінців виявлено клітини з однією–трьома В хромосомами, розміром 0,8–1,5 мкм (рис. а). Їх можна було поділити на три морфологічні типи за розподілом гетерохроматинових блоків і наявністю на хромосомах послідовностей 5S рДНК [8, 9]. Найчастіше траплялися клітини з однією В хромосомою. Клітини, що їх містили виявлено лише у частини вивчених корінців. Це вказує на те, що рослини *in vitro* DAR12 були не лише міксоплоїдними, а й химерними за наявністю додаткових хромосом. Також, у деяких клітинах цього генотипу виявлено два і більше ядерець (рис. б).

Окрім того, ми отримали непрямі регенеранти з культури тканин, одержаної із коренів рослин *in vitro* DAR12 та проведено їх цитогенетичний аналіз. У результаті показано, що усі досліджені метафази були диплоїдними ($2n=26$). Проте, в окремих клітинах виявлено неправильне групування хромосом в анафазі мітозу, що може бути наслідком порушення веретена поділу та призвести до триполюсного мітозу (рис. в). Це один із можливих механізмів виникнення клітин із хромосомним набором, відмінним від вихідного.

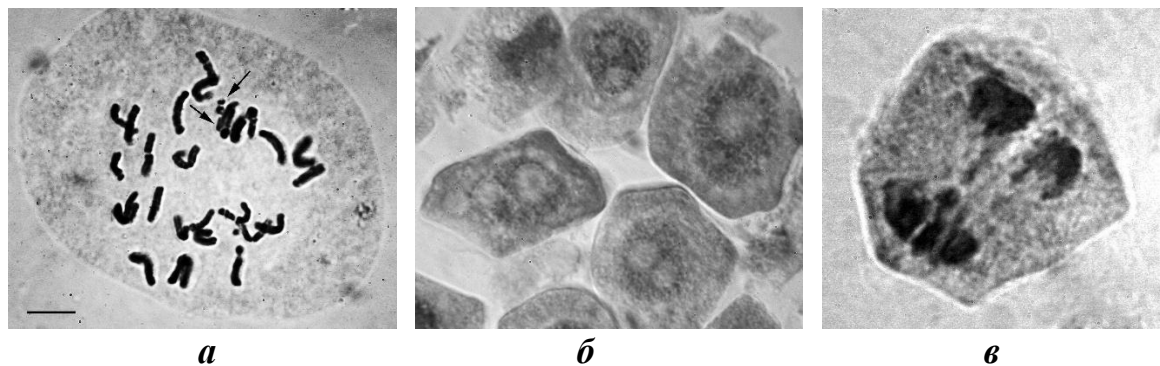


Рис. Різні клітини кореневої меристеми рослин *Deschampsia antarctica* генотипу DAR12, культивованих *in vitro*:

а – диплоїдна метафаза з двома додатковими хромосомами ($2n=26+2B$), позначені стрілками; *б* – клітини з різною кількістю ядерць (1-3); *в* – триполюсний мітоз. Довжина відрізка – 10 мкм.

При проведенні молекулярно-цитогенетичного аналізу в каріотипі DAR12 було знайдено щонайменше два типи В хромосом, які мали різні DAPI/C-бенди, а сайти 5S рДНК виявлено у субтеломерній ділянці однієї В хромосоми [8]. Встановлено, що В хромосоми деяких видів *Poaceae* містили рибосомні гени, а також субтеломерні тандемні повтори рSc119.2 [10]. В хромосоми ми виявили лише в каріотипі *D. antarctica*, отриманого з насіння, зібраного на найпівденнішому о. Дарбо з суворими умовами навколишнього середовища. Ймовірно, встановлена мінливість каріотипу *D. antarctica* (міксоплоїдія, поліплоїдія, хромосомні аберації та поява В хромосом), може бути зумовлена стресовими умовами зростання рослин в Антарктиці.

Відомо, що наявність додаткових хромосом у каріотипі підвищує стійкість рослин до умов абіотичного стресу [2]. В хромосоми, як правило, нейтральні за своїми фенотиповими проявами, проте їх підвищена кількість може впливати на широкий спектр фенотипових характеристик та фертильність [1]. При проведенні транскрипційного аналізу різних тканин рослин *Zea mays* з однією В хромосомою та без неї, показано, що транскрипційні фактори В хромосоми контролюють експресію групи генів основного набору хромосом, а присутність цієї хромосоми стимулює експресію кількох білків малої рибосомної субодиниці, які можуть брати участь у реакції на стресові умови [3].

Таким чином, проведений нами цитогенетичний та молекулярно-генетичний аналіз доповнює виявлену раніше мінливість каріотипу злакової

рослини *D. antarctica* у вигляді міксоплоїдії, поліплоїдії, появі В хромосом та хромосомних аберацій, що може бути зумовлена жорсткими умовами зростання рослин в Антарктиці та одним із механізмів стійкості до стресу. Отримані дані можуть бути основою для подальших досліджень та корисними для селекції холодостійкості сільськогосподарських культур.

Література:

1. Кунах В.А. Додаткові або В-хромосоми рослин. Походження і біологічне значення. *Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів*. 2010. Т.8, №1. С. 99–139.
2. Islam M.M., Deepo D.M., Siddique A.B., Nasif S.O., Zonayet M., Hassan O., Siddique A.B., Ali M.A. B Chromosomes in Wheat: Evolution, Functions and Breeding Potential. *Agronomy*. 2024. Vol. 14, No 11. 2682. DOI:10.3390/agronomy14112682.
3. Hloušková L., Tulpová Z., Svačina R., Holušová K., Cápál P., Navrátilová P., Karafiátová M., Bartoš J. The maize B chromosome shapes the transcriptome throughout the entire plant life cycle. *Journal of Experimental Botany*. 2025. P. 1–16. DOI:10.1093/jxb/eraf337.
4. Chen J., Birchler J.A., Houben A. The non-Mendelian behavior of plant B chromosomes. *Chromosome Research*. 2022. Vol. 30. P. 229–239. DOI:10.1007/s10577-022-09687-4.
5. Bravo L.A., Ulloa N., Zuniga G.E., Casanova A., Corcuera L.J., Alberdi M. Cold resistance in Antarctic angiosperms. *Physiologia Plantarum*. 2001. Vol. 111, No 1. P. 55–65. DOI:10.1034/j.1399-3054.2001.1110108.x.
6. Parnikoza I., Kozeretska I., Kunakh V. Vascular plants of the Maritime Antarctic: origin and adaptation. *American Journal of Plants Science*. 2011. Vol. 2, No 3. P. 381–395. DOI:10.4236/ajps.2011.23044.
7. Navrotska D.O., Twardovska M.O., Andreev I.O., Parnikoza I.Yu., Betekhtin A.A., Zahrychuk O.M., Drobyk N.M., Hasterok R., Kunakh V.A. New forms of chromosome polymorphism in *Deschampsia antarctica* Desv. from the Argentine Islands of the Maritime Antarctic region. *Ukrainian Antarctic Journal*. 2014. № 13. С. 185–191.
8. Amosova A.V., Bolsheva N.L., Samatadze T.E., Twardovska M.O., Zoshchuk S.A., Andreev I.O., Badaeva E.D., Kunakh V.A., Muravenko O.V. Molecular Cytogenetic Analysis of *Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae), Maritime Antarctic. *PLoS One*. 2015. Vol. 10, No 9. P. 1–17. DOI:10.1371/journal.pone.0138878
9. Navrotska D.O., Andreev I.O., Betekhtin A.A., Rojek M., Parnikoza I.Yu., Myryuta G.Yu., Poronnik O.O., Miryuta N.Yu., Szymanowska-Pułka J., Grakhov V.V., Ivannikov R., Hasterok R., Kunakh V.A. Assessment of the molecular cytogenetic, morphometric and biochemical parameters of *Deschampsia antarctica* from its southern range limit in maritime Antarctic. *Polish Polar Research*. 2018. Vol. 39, No 4. P. 525–548. DOI:10.24425/118759.
10. Friebe B., Jiang J., Gill B. Detection of 5S rDNA and other repeated DNA on supernumerary B-chromosomes of *Triticum* species (Poaceae). *Plant Systematics and Evolution*. 1995. Vol. 196, No 3-4. P. 131–139. DOI: 10.1007/bf00982954.

ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ ЯК ОСНОВА АДАПТАЦІЇ РОСЛИН

Шипова О.Ю.

Лозівська філія Харківського автомобільно-дорожнього фахового коледжу,
м. Харків, Україна

Генетичне різноманіття є фундаментом еволюційного процесу та біологічного успіху видів. Саме завдяки різноманіттю генів і алелей рослини здатні адаптуватися до змінних умов середовища — температурних коливань, дефіциту води, засолення ґрунтів, забруднення або поширення нових патогенів. У сучасних умовах глобальних кліматичних змін та інтенсивного антропогенного впливу проблема збереження та раціонального використання генетичних ресурсів рослин набуває особливої актуальності.

Під генетичним різноманіттям розуміють сукупність спадкових відмінностей між окремими особинами, популяціями або видами. Ця різноманітність проявляється на різних рівнях — від варіацій у послідовності ДНК до морфологічних, фізіологічних та фенологічних відмінностей. Завдяки цьому формується адаптивна здатність рослин, яка забезпечує виживання популяцій у змінному середовищі. Основними джерелами генетичного різноманіття є:

- мутації — первинний матеріал для еволюційних змін;
- генетична рекомбінація під час статевого розмноження;
- міграція генів між популяціями;
- природний добір.

На рівні популяцій генетичне різноманіття сприяє стабільності біосистем, забезпечуючи гнучкість у відповідь на екологічні стреси [1].

Адаптація рослин є результатом відбору генотипів, найкраще пристосованих до конкретних умов середовища. Наприклад, у посушливих регіонах перевагу мають рослини з генами, що контролюють ефективне використання води та розвиток глибокої кореневої системи. Дослідження геномів культурних і диких видів дозволяє ідентифікувати гени, пов'язані з посухостійкістю, холодостійкістю чи толерантністю до засолення, що є основою для створення нових сортів з підвищеною екологічною пластичністю[3].

Збереження генетичного різноманіття передбачає підтримання різних підходів таких як:

- збереження біорізноманіття поза природним середовищем існування, наприклад, у ботанічних садах, банках насіння та генів. Цей метод використовується для видів, які перебувають під загрозою зникнення, щоб захистити їх від зникнення, створивши контрольовані умови, схожі на природні, але без загрозливих факторів.

- процес або дослідження, що проводиться безпосередньо в природному середовищі або в його межах, без переміщення зразків. Це може стосуватися як спостереження за організмом у природних умовах (наприклад,

фотографування тварини в дикій природі), так і лабораторних методів, які дозволяють аналізувати молекули безпосередньо в тканинах або клітинах, зберігаючи їхню цілісність [2].

Сучасні біотехнології - відкривають нові можливості для вивчення, моніторингу й цілеспрямованого використання генетичного потенціалу рослин. З вище сказаного можемо зробити висновок, що генетичне різноманіття є головним фактором еволюційної та екологічної стабільності рослинних популяцій. Воно визначає стійкість рослин до дії абіотичних та біотичних стресів. Використання генетичного різноманіття в селекції сприятиме створенню нових сортів, здатних забезпечити високу врожайність у мінливих кліматичних умовах.

Література:

1. Гончар О. В. Генетичне різноманіття рослин і його значення для адаптації до стресових умов. *Біологічні студії*. 2021. Т. 15, № 2. С. 45–52.
2. Литвиненко М. А. Роль генетичного різноманіття у стійкості рослинних популяцій до абіотичних стресів. *Агробіологія*. 2020. № 1. С. 23–30.
3. Холодний Г. М., Гураль С. В. Геномні технології у вивченні адаптації рослин. *Вісник Харківського національного університету імені В. Н. Каразіна*. Серія: Біологія. 2022. № 38. С. 58–65.

ВИКОРИСТАННЯ ILLUMINA СИКВЕНУВАННЯ ДІЛЯНКИ ITS1-2 35S рДНК ДЛЯ ГЕНЕТИЧНОГО БАРКОДИНГУ ІНВАЗІЙНИХ РОСЛИН РОДУ *REYNOUTRIA*

Якобишен Д.В.

Тинкевич Ю.О., кандидат біологічних наук

Волков Р.А., доктор біологічних наук, професор

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
м. Чернівці, Україна

Представники роду *Reynoutria* належать до найагресивніших інвазійних рослин, які завдають значної шкоди природним екосистемам та антропогенній інфраструктурі. Їхнє швидке вегетативне поширення призводить до витіснення аборигенної флори та втрати біорізноманіття. Серед інвазійних видів найбільшого поширення набули *R. japonica* Houtt. та *R. sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai, нативні ареали яких локалізовані у Східній Азії. Протягом останніх десятиліть ці види натуралізувалися в Європі, Північній Америці та Новій Зеландії. Внаслідок філогенетичної спорідненості обидва види активно гібридизують, утворюючи міжвидові гібриди, які визнані окремим таксоном — *R. × bohemica* Chrtek & Chrtková. Обидва батьківські види є поліплоїдами: *R. japonica* характеризується октаплоїдним набором хромосом ($2n=8x=88$), тоді як *R. sachalinensis* є тетраплоїдом ($2n=4x=44$). Значне перекриття діапазонів фенотипової мінливості *R. japonica* та *R. × bohemica* ускладнює морфологічну ідентифікацію та оцінку частки гібридних форм у популяціях. Крім того, внаслідок беккросів можуть утворюватися численні варіанти інтрогресивних гібридів із різним інвазійним потенціалом.

Для генетичного баркодингу рослин *Reynoutria* у вторинному ареалі та виявлення гібридних форм ми використали ділянку ITS1-ITS2 35S рДНК, яка характеризується високим рівнем мінливості та є найпопулярнішим маркером таксономії рослин. Висока копійність 35S рДНК у геномі та неповна гомогенізація варіантів цієї послідовності роблять її зручним інструментом для дослідження міжвидової гібридизації.

Зразки інвазійних видів роду *Reynoutria*, були зібрані на території восьми областей України, а також у Польщі, Румунії та Німеччині. ДНК виділяли зі свіжого та гербаризованого матеріалу. Ампліфікацію ділянки ITS1-2 проводили з використанням різних комбінацій прямих і зворотних праймерів. Змішані ПЛР-продукти після очистки з гелю та сиквенували методом Illumina з використанням сервісу Amplicon-EZ (GENEWIZ). Біоінформатичний аналіз включав трімінг та фільтрацію рідів за якістю і довжиною, об'єднання парних рідів та екстракцію рідів, що належать до конкретних зразків, за специфічними комбінаціями праймерів. Гаплотипування послідовностей ITS1-2 та аналіз методом основних компонент на основі частот SNP здійснювали з використанням власних Python програм.

Загалом для 31 зразка отримано 57 індивідуальних гаплотипів ITS1-2, з яких 36 найпоширеніших використано у філогенетичному аналізі разом із

доступними в GenBank послідовностями. Аналіз нуклеотидних замін дозволив чітко диференціювати гаплотипи *R. japonica* і *R. sachalinensis*. Виявлено, що частина послідовностей, анотованих у GenBank як *R. sachalinensis*, відповідає гаплотипам *R. japonica*, що ймовірно пов'язано з неточною ідентифікацією зразків. На філогенетичному дереві крім клад, що відповідають *R. japonica* та *R. sachalinensis*, ідентифіковано кілька субклад, і серед них субкладу *R. japonica* var. *compacta*, яка включає послідовності цієї варіації з GenBank та ідентифікований нами гаплотип 48. У всіх типових зразків *R. japonica* домінує гаплотип 1. Для шести зразків, морфологічно ідентифікованих як *R. × bohémica*, а також для шести зразків, первинно визначених як *R. japonica*, виявлено значну частку гаплотипів *R. sachalinensis*, що свідчить про недостатність морфологічних критеріїв для таксономічної ідентифікації.

Аналіз методом головних компонент (рис. 1) показав, що всі зразки *R. × bohémica* та частина зразків *R. japonica* займають проміжне положення між основною масою зразків *R. japonica* та зразками *R. sachalinensis*. Зміщення гібридних генотипів у бік *R. japonica* може бути наслідком більшої кількості генетичного матеріалу, який гібриди отримують від октаплоїдної *R. japonica* порівняно з тетраплоїдною *R. sachalinensis*.

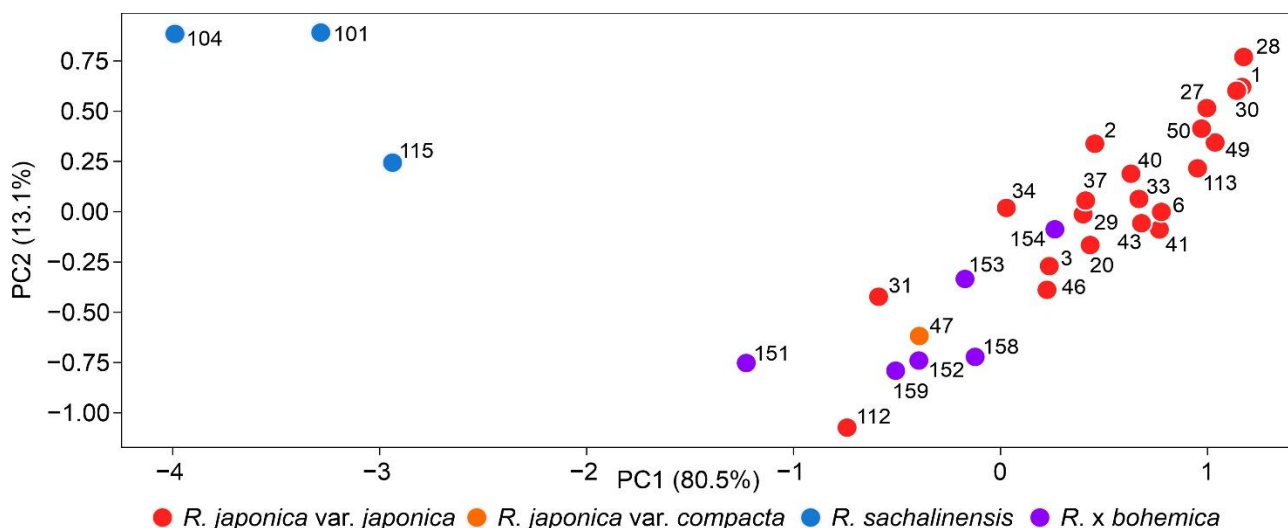


Рис. Аналіз генетичних дистанцій між зразками роду *Reynoutria* методом основних компонент

Іllumina-сиквенування ділянки ITS1-2 виявилось ефективним підходом для таксономічної ідентифікації та дослідження внутрішньогеномного поліморфізму інвазійних рослин роду *Reynoutria*. Виявлена поширеність міжвидової гібридизації значно підвищує генетичний поліморфізм представників роду у вторинному ареалі.

Література:

1. Jugieau E., Talmot V., Staentzel C., et al. A knot of hybrids: Differentiating Asian knotweeds in North-Eastern France using genetic, cytological, and morphological data. *J. Syst. Evol.* 2025. Vol. 62, No. 6. Pp. 1218-1226. doi:10.1111/jse.13075

Маркер-асоційована селекція сільськогосподарських рослин

Marker-assisted breeding of agricultural crops

МОЛЕКУЛЯРНО-МАРКЕРНІ ДОСЛІДЖЕННЯ БАВОВНИКУ: СТАН ТА ПЕРСПЕКТИВИ

Волкова Н.Е., доктор біологічних наук

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Бавовник (*Gossypium* spp.) є найважливішою у світі культурою для виробництва натурального волокна. Крім того, бавовняна олія та бавовняний шрот є важливими побічними продуктами культивування бавовнику. Також бавовник служить ідеальною моделлю для вивчення еволюції геномів рослин. На жаль, зараз бавовник став актуальною культурою для України як джерело пороку в зв'язку з війною з РФ.

Рід *Gossypium* налічує понад 50 диплоїдних ($2n = 2x = 26$) та тетраплоїдних ($2n = 4x = 52$) видів, класифікованих за геномними групами А-Г та К та поширених по всьому світу. Розмір геному бавовнику варіює залежно від виду. Для складного алотетраплоїда *G. hirsutum* розмір геному становить 2,25–2,43 Гб. Диплоїдні види мають менші геноми; наприклад, вид *G. arboreum* з геномом А має розмір близько 1,62 Гб, а вид з геномом D *G. raimondii* — близько 750 Мб (0,75 Гб) [1].

Історично культивують чотири види: два диплоїдних види *G. herbaceum* та *G. arboreum* та два тетраплоїдних види *G. hirsutum* та *G. barbadense*. Вид *G. hirsutum* (Бавовник звичайний, або мексиканський) забезпечує 90 % світового виробництва, вид *G. barbadense* (Бавовник єгипетський) – 8 %, види *G. herbaceum* (Бавовник трав'яний) та *G. arboreum* (Бавовник деревоподібний, або індокитайський) – 2 % [2].

Геном бавовнику секвеновано, а саме в 2012 р. референтний геном *G. raimondii*, в 2014 р. референтний геном *G. arboreum*, а в 2021 р. опубліковано інформацію щодо створення пан-геному на основі секвенування 1961 зразку бавовнику. Ідентифіковано 162 локуси, включаючи 47 локусів, пов'язаних з 16 агрономічними ознаками [3].

Результати секвенування є фундаментальним ресурсом для розуміння генетики бавовнику та покращення цієї культури за допомогою молекулярно-маркерної селекції. Це загальнодоступний ресурс для геноміки та селекції бавовнику, який дозволяє ідентифікувати гени, локуси кількісних ознак (англ. Quantitative Trait Loci, QTL), генетичні варіації та мішені для покращення таких ознак, як стійкість до стресів (біотичних та абіотичних), врожайність, якість, та розробляти відповідні молекулярні маркери.

Молекулярні маркери бавовнику розробляють для ідентифікації агрономічно важливих ознак, пов'язаних з якістю та кількістю волокна, стійкістю до біотичних та абіотичних стресів [4]. За допомогою молекулярних маркерів селекціонери ефективніше проводять скринінг та добір генотипів, покращують сорти за цільовими ознаками. Ключові ознаки, за якими проводять молекулярно-генетичні дослідження та розробку молекулярних маркерів: якість, довжина, міцність волокна, величина мікронефра, однорідність волокна;

агрономічні ознаки: середня вага коробочки, висота рослини, рання стиглість, відсоток ворсу; стресостійкість: посухостійкість, жаротолерантність, солестійкість.

Існують загальнодоступні генетичні бази даних бавовнику як ресурс для використання спільнотою дослідників (генетиків та селекціонерів) бавовнику. Зокрема, Cotton Database Resources «CottonGen» (<https://www.cottongen.org/>), Cotton Genome Database (CottonDB.org), The Genomic Variation Database of Cultivated *Gossypium* spp. «CottonGVD».

Відкрито міжнародний проект Cotton2035 «геноміки для селекції» (genomics-to-breeding, G2B), який передбачає дослідження для глибшого розуміння просторово-часових регуляторних механізмів, що беруть участь у зберіганні та експресії геномної інформації [5]. Проект створено для систематичного розшифрування функціональних елементів та регуляторних мереж у геномі бавовнику. Технологічний прогрес, зокрема в секвенуванні окремих клітин та просторово-часовій оміці з високою роздільною здатністю, буде важливим для з'ясування цих регуляторних механізмів. Інтегруючи дані мульти-оміки, інструменти редагування геному та штучний інтелект, ці зусилля розширять можливості геномних стратегій, необхідних для майбутньої селекції бавовнику.

Література:

1. Pathak D., Singh S., Kumar H., Grover G., Kaur N. Cotton: Some insights. 2023. The Crop Improvement Society of India, Ludhiana, India. 184 p. DOI: 10.5281/zenodo.8298304
2. Ma Z., Zhang Y., Wu L., Zhang G. et al. High-quality genome assembly and resequencing of modern cotton cultivars provide resources for crop improvement. *Nat. Genet.* 2021. Vol. 53, No 9. P. 1385-1391. DOI: 10.1038/s41588-021-00910-2
3. Li J., Yuan D., Wang P., Wang Q. et al. Cotton pan-genome retrieves the lost sequences and genes during domestication and selection. *Genome Biology.* 2021. Vol. 22:119. 26 p. DOI: 10.1186/s13059-021-02351-w
4. Li G., Che J., Gong J., Duan L. et al. Quantitative Trait Locus mapping for plant height and branch number in CCRI70 recombinant inbred line population of upland cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plants.* 2024. Vol. 13, No 11. P. 1509. DOI: 10.3390/plants13111509
5. Wang K., He S., Zhu Y. Cotton2035: From genomics research to optimized breeding. *Molecular Plant.* 2025. Vol. 18, No 2. P. 298–312. DOI: 10.1016/j.molp.2025.01.010

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНА ОЦІНКА АДАПТИВНОГО ПОТЕНЦІАЛУ ГІБРИДІВ КУКУРУДЗИ ДО ПОСУШЛИВИХ УМОВ СТЕПОВОЇ ЗОНИ УКРАЇНИ

Гайдаш О.Л., кандидат сільськогосподарських наук

Негода Т.В.

Зубов Д.С.

Державна установа Інститут зернових культур НААН України,
м. Дніпро, Україна

Адаптація кукурудзи до посушливих умов Степової зони України є однією з головних проблем сучасної селекції. Зміни клімату, зростання температурного стресу та дефіцит вологи зумовлюють необхідність створення гібридів із підвищеною посухостійкістю та стабільною продуктивністю.

Традиційні методи селекції не завжди забезпечують достатню точність у доборі адаптивних форм, тоді як використання молекулярно-генетичних підходів дає змогу на ранніх етапах ідентифікувати генотипи з високим адаптивним потенціалом.

За даними сучасних досліджень [1-4], у структурі посухостійкості кукурудзи важливу роль відіграють гени, що контролюють водоутримувальну здатність, фотосинтетичну активність та антиоксидантний захист. Поєднання традиційних селекційних методів із молекулярною діагностикою дозволяє підвищити точність оцінки адаптивного потенціалу та прискорити створення гібридів нового покоління.

Мета – оцінити адаптивний потенціал сучасних і перспективних гібридів кукурудзи за допомогою молекулярно-генетичних маркерів для добору високопродуктивних форм, стійких до посушливих умов Степової зони України. Завдання дослідження:

1. Провести молекулярно-генетичну ідентифікацію зразків кукурудзи за допомогою SSR- та SNP-маркерів.
2. Визначити показники водоутримувальної здатності, фотосинтетичної активності та рівня антиоксидантних ферментів у стресових умовах.
3. Встановити кореляційні зв'язки між генотиповими та фенотиповими проявами посухостійкості.
4. Визначити групи гібридів з високим адаптивним потенціалом для використання у селекційних програмах.

Матеріали та методи досліджень. Дослідження проводили у 2022–2024 рр. у польових умовах дослідного господарства ДУ «Інститут зернових культур НААН» (м. Дніпро) та в лабораторії методів селекції та первинного насінництва.

Об'єкт дослідження – 18 гібридів кукурудзи різного генетичного походження, створених на основі ліній різних зародкових плазм.

Методики: генетичний аналіз здійснювали із використанням SSR (simple sequence repeats) та SNP (single nucleotide polymorphisms) маркерів, асоційованих із посухостійкістю (ZmDREB2A, LEA3, NCED1, P5CS); вміст хлорофілу

визначали спектрофотометрично (метод Арнона), активність каталази (CAT) і супероксиддисмутази (SOD) – за стандартними ферментативними тестами; польові спостереження проводили за системою FAO (2019) для оцінки стійкості до стресових умов; статистичну обробку даних виконано у RStudio із використанням кластерного аналізу та методу головних компонент.

Застосування 12 SSR-маркерів дозволило встановити високий рівень поліморфізму (PIC = 0,71). У групі гібридів виявлено 4 основні генетичні кластери, з яких два характеризувалися стабільним проявом маркерів посухостійкості.

SNP-аналіз підтвердив асоціацію генів ZmDREB2A та P5CS із підвищеною водоутримувальною здатністю листків.

Фізіолого-біохімічні показники. Гібриди з високим рівнем експресії зазначених генів мали на 18–25% вищий вміст хлорофілу та на 30% більшу активність антиоксидантних ферментів у порівнянні з контрольними.

Комплексна оцінка адаптивного потенціалу. Кластеризація за інтегральним показником адаптивності дозволила виділити 5 гібридів із стабільним поєднанням генетичних і фізіологічних ознак посухостійкості – ДН Антей, ДН Візир, ДН Прайм, ДН 360 та ДН Сварог ці гібриди рекомендовано як високоадаптовані до умов недостатнього зволоження степової зони України, придатні для вирощування у зонах ризикованого землеробства, де часто спостерігаються тривалі періоди ґрунтової та повітряної посухи.

Вони відзначаються високим рівнем фотосинтетичної активності, оптимальним водоспоживанням, стійкістю до високих температур у критичні фази розвитку (викидання волоті – налиव зерна) та збереженням врожайності на рівні 7,0–9,5 т/га навіть за умов обмеженого водозабезпечення.

Отримані результати узгоджуються з даними міжнародних досліджень [5–7], що підтверджують ключову роль транскрипційних факторів DREB та ферментів осморегуляції у забезпеченні толерантності до посухи.

Порівняно з традиційними методами фенотипового добору, використання маркер-асоційованої селекції (MAS) дозволяє скоротити селекційний цикл на 1–2 роки та підвищити точність оцінки адаптивного потенціалу на 25–30 %.

Висновки. Проведено молекулярно-генетичну оцінку 18 гібридів кукурудзи, що дозволила виявити високий рівень поліморфізму за SSR- та SNP-маркерами, асоційованими з посухостійкістю.

1. Встановлено тісний кореляційний зв'язок між експресією генів ZmDREB2A, LEA3, NCED1, P5CS та фізіологічними показниками посухостійкості;

2. Виділено п'ять гібридів із високим адаптивним потенціалом, рекомендованих для подальшого використання у селекційних програмах;

3. Запропонована система молекулярно-генетичної оцінки є ефективним інструментом прискорення добору адаптивного вихідного матеріалу кукурудзи в умовах кліматичних змін.

Література:

1. Araus J. L., Cairns J. E. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. *Trends in Plant Science*. 2014. 19(1). 52–61. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.09.008>.
2. Qin F., Kakimoto M., Sakuma Y., Maruyama K., Osakabe Y., Tran L. S. P., Shinozaki K. Regulation and functional analysis of ZmDREB2A in response to drought and heat stresses in *Zea mays* L. *The Plant Journal*. 2007. 50(1). 54–69. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2007.03034.x>.
3. Kelliher T., Starr D., Richbourg L., Chintamanani S., Delzer B., Nuccio M. L., Larkins B. A. MATRILINEAL, a sperm-specific phospholipase, triggers maize haploid induction. *Nature*. 2017. 542(7639). 105–109. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature20827>.
4. Hu H., Schrag T. A., Peis R., Unterseer S., Schipprack W., Seidel M., Schön C.-C. The genetic basis of haploid induction in maize identified with a novel genome-wide association method. *Genetics*. 2016. 202(4). 1267–1276. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.115.184234>.
5. Chaikam V., Molenaar W., Melchinger A. E., Boddupalli P. M. Doubled haploid technology for line development in maize: Technical advances and prospects. *Theoretical and Applied Genetics*. 2019. 132. 3227–3243. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03433-x>.
6. Jiang C., Sun J., Li R., Yan S., Chen W., Guo L., Zhang D. A reactive oxygen species burst causes haploid induction in maize. *Molecular Plant*. 2022. 15(6). 943–955. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.04.001>.
7. Trentin H. U. Breeding maize maternal haploid inducers. *Plants*. 2020. 9(5). 614. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9050614>.

МАРКЕР-АСОЦІЙОВАНА СЕЛЕКЦІЯ: БІБЛІОМЕТРИЧНИЙ АНАЛІЗ

Реліна Л.І., кандидат біологічних наук
Єгорова Н.Ю., кандидат економічних наук
Ожерельсва В.М., кандидат історичних наук
Гребенюк І.В., кандидат історичних наук

Інститут рослинництва імені В.Я. Юр'єва НААН України,
м. Харків, Україна

Маркер-асоційована селекція (МАС) – це селекційна стратегія, яка дозволяє прискорити селекцію і зробити її більш ефективною, тому не дивно, що цієї стратегії присвячено величезну кількість публікацій, яку важко проаналізувати в рамках традиційних оглядів літератури. Для аналізу великих масивів літературних джерел, в тому числі з суміжних, але різних галузей знання, існує інструментарій бібліометричного аналізу [1].

Нашою метою було проаналізувати літературу з маркер-асоційованої селекції в наукометричній базі Scopus. Для пошуку використали комбінації ключових слів “marker-assisted selection” ТА “plants” АБО “marker-assisted selection” ТА “crops”, АБО “marker-assisted selection” та “agriculture”, тощо. Дата зрізу даних – 9.05.2025. Для аналізу було відібрано документи, опубліковані англійською мовою. Типи публікацій, відібраних для аналізу, включали статті, книги, глави книг, і матеріали конференцій. Інформацію з бази Scopus екстрагували у вигляді .csv файлів, які об'єднали з виключенням дублікатів. Остаточний файл містив 3290 документів 11560 авторів. Аналіз проводили в середовищі RStudio за допомогою застосунку Biblioshiny.

Перша робота з даної теми була опублікована в 1991 р., після чого кількість публікацій на рік стрімко зростала, з деякими коливаннями, досягнувши піку в 2022 р (199 публікацій) (рис. 1А). Чи означає це ослаблення інтересу дослідників до МАС? Ми вважаємо, що занадто рано робити такий висновок, бо такий спад може бути тимчасовою флуктуацією публікаційної активності, що вже спостерігалось в минулі роки. Картина динаміки цитування інша: першого піку інтересу до цієї тематики було досягнуто ще у 1993 р. (4,6), після чого спостерігався значний спад і досить різкі коливання цього показника, аж до 2019 р., коли було досягнуто нового максимуму цитування (5,3) (рис. 1Б).

Аналіз показав, що беззаперечним лідером в публікаційній активності в області МАС є журнал «Theoretical and Applied Genetics». Його внесок в загальну кількість публікацій становив 568 документів (рис. 2А), причому він був незмінним лідером, починаючи з 1991 р., і саме в ньому кількість публікацій зростала найбільш швидко (рис. 2Б). Також цей журнал є лідером за показником «локального впливу», тобто частоти цитування статей журналу у межах конкретної галузі (H-індекс = 91) (рис. 2В). Друге місце з відривом посідає журнал “Molecular Breeding”, а інші журнали топової десятки утворюють більш-менш однорідну групу.

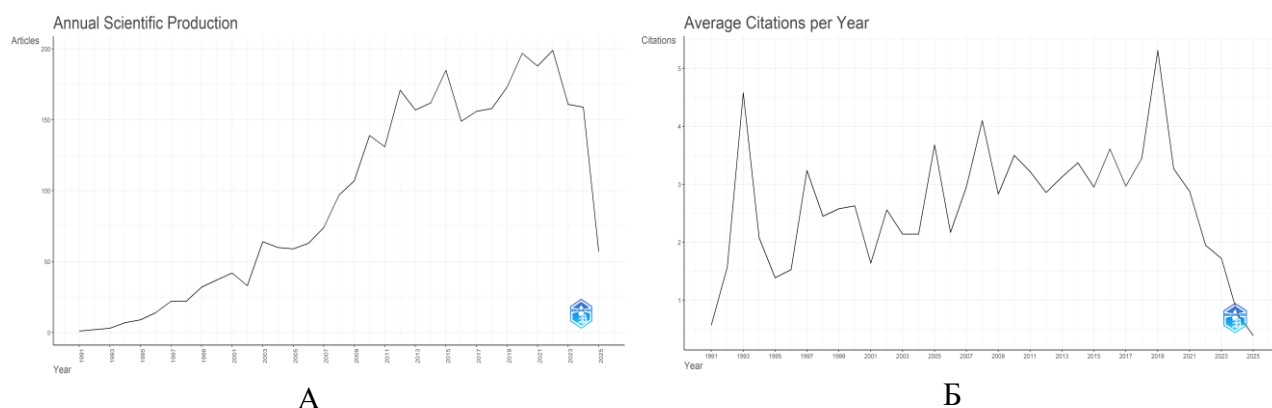


Рис. 1. Динаміка публікаційної активності в галузі МАС. А – кількість публікацій по рокам; Б – середній показник цитування по рокам.

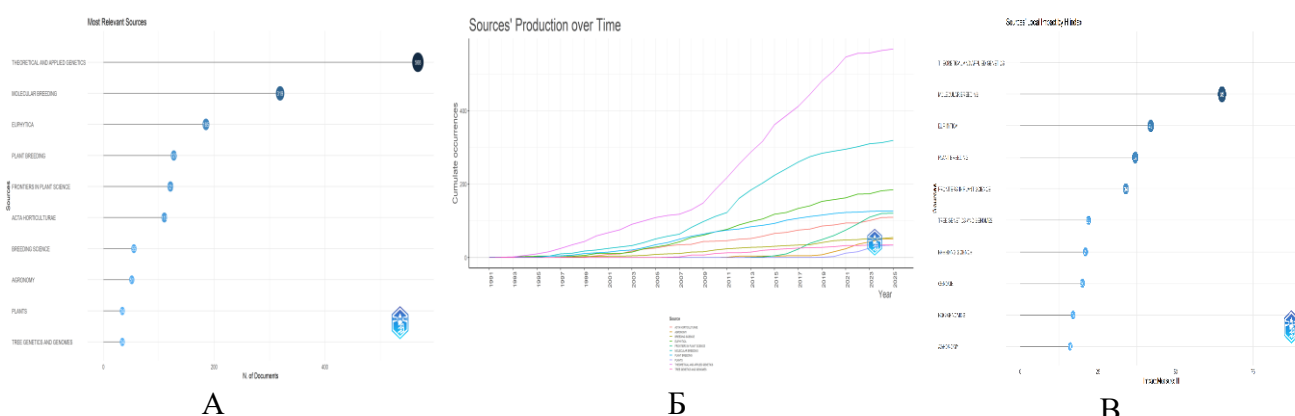


Рис. 2. Десять найбільш значущих журналів в галузі МАС: А – загальна кількість публікацій; Б – динаміка публікаційної активності; Н-індекс

Аналіз по країнам показав, що найбільшу кількість робіт з МАС опубліковано Китаєм, причому інтенсивність публікаційної активності Китаю в області МАС стрімко зростала, і в 2011 р. Китай випередив США і досі залишається найбільш продуктивною країною (рис. 3А). Китай також є лідером з кількості цитувань. Друге і третє місця за кількістю публікацій та показником цитування належать США та Індії, відповідно, а інші країни топової десятки зібрані у відносно однорідну групу. Що стосується співробітництва між країнами, на наш подив, його рівень у лідерів в області МАС досить низький. Так, лише 19,4% робіт Китаю опубліковано у колаборації з іншими країнами. У США цей показник вище – 31,4%, а лідером колаборації між країнами серед десятки найбільш активних у цій області країн є Франція, яка опублікувала 43,1% робіт у колаборації з іншими країнами.

Очікувано, що серед десяти організацій, які є найбільш значимими в області МАС, перші три – китайські установи: Нанкінський сільськогосподарський університет, Хуачжунський сільськогосподарський університет та Сільськогосподарський університет Китаю (рис. 4А). І саме ці установи найбільш стрімко збільшували кількість своїх публікацій, починаючи з 2007 -2008 рр., випередивши Університет Каліфорнії, який був лідером з 1991 р. (рис 4Б).

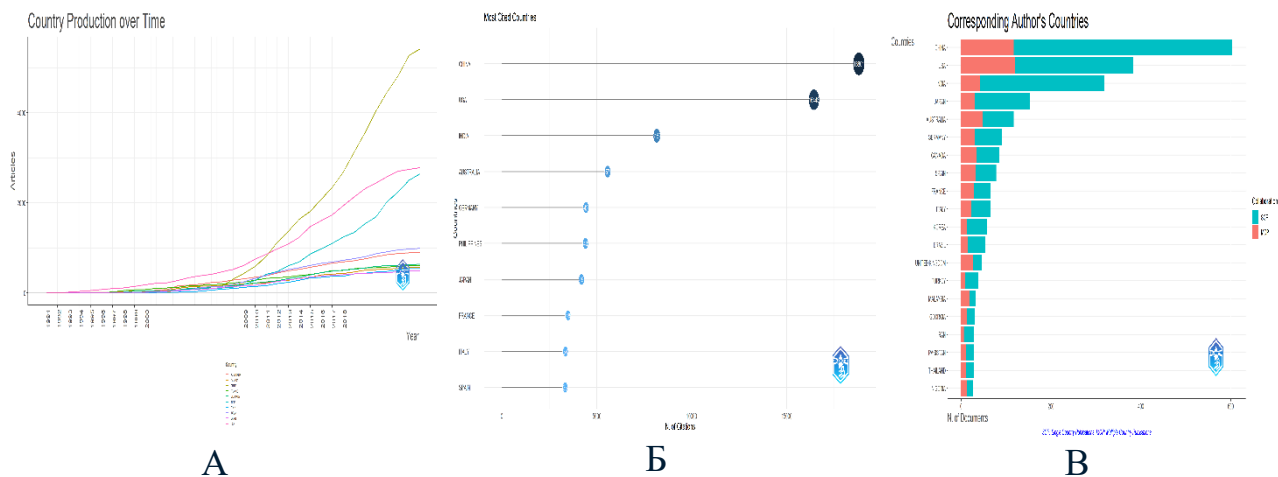


Рис. 3. Аналіз публікаційної активності в галузі досліджень МАС по країнам. А – динаміка публікаційної активності найвпливовіших країн; Б – найбільш цитовані країни; В – рівень співробітництва між країнами: SCP – single-country publication (публікація однією країною), MCP – multi-country publication (публікація кількома країнами).

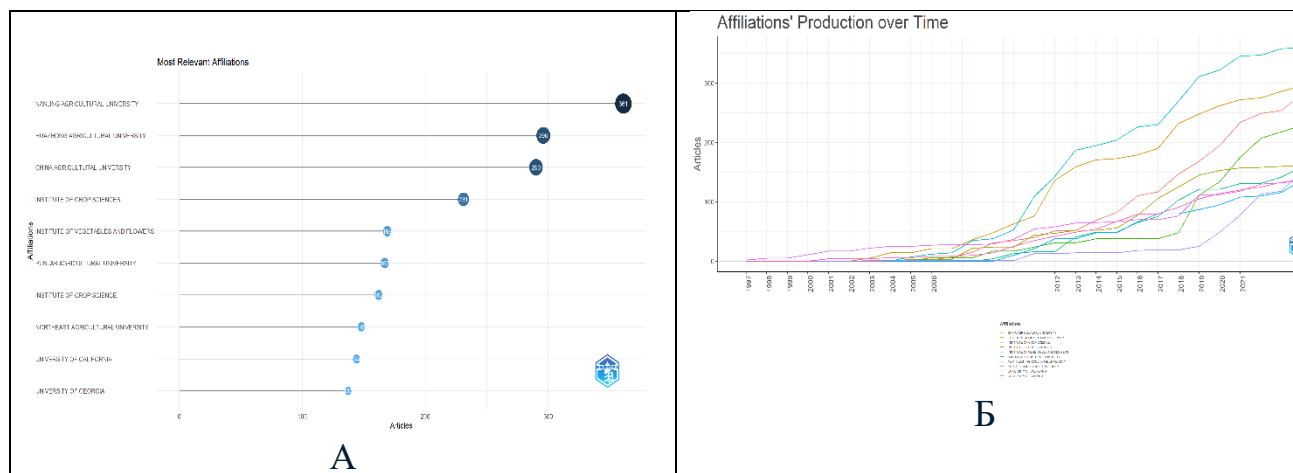


Рис. 4. Аналіз публікаційної активності в галузі досліджень МАС по організаціям. А – загальна кількість документів, опублікованих найбільш впливовими організаціям; Б – динаміка публікаційної активності найбільш продуктивних організацій

Таким чином встановлено, що з 1991 р. кількість публікацій з МАС стабільно зростала до 2022 р., а показник цитування характеризувався суттєвими коливаннями протягом проаналізованого періоду. Лідером за показниками кількості публікацій та Н-індексу є журнал «Theoretical and Applied Genetics». Серед країн наразі за кількістю публікацій та цитуванням лідирує Китай, а Франція є лідером за відсотком публікацій, виконаних спільно з іншими країнами.

Література:

1. Okubo Y. "Bibliometric Indicators and Analysis of Research Systems: Methods and Examples". *OECD Science, Technology and Industry Working Papers*. 1997. No. 1997/01, OECD Publishing, Paris. DOI: [10.1787/208277770603](https://doi.org/10.1787/208277770603)

**Біотехнології для підвищення
продуктивності агрокультур,
стійкості до стресів, адаптивності
до змін клімату**

**Biotechnologies for enhancing crop
productivity, stress resistance,
and climate adaptability**

НОВА ТЕХНІКА РЕДАГУВАННЯ ГЕНІВ proPE (PRIME EDITING WITH PROLONGED EDITING WINDOW)

Волкова Н.Е., доктор біологічних наук

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Впровадження в селекційний процес новітніх досягнень геноміки, протеоміки, метаболоміки та інших омів, технологій редагування геномів, систем молекулярних маркерів забезпечує генетичне поліпшення рослин і створення сортів нового покоління. Технології редагування геномів рослин дозволяють проводити точні і ефективні зміни ДНК для покращення якостей та поживних властивостей, підвищення врожайності рослин, стійкості до біотичних та абіотичних стресів. Також ці технології є потужним інструментом для вивчення функцій генів у рослин. Редагування геномів має великий потенціал для вирішення глобальних проблем, пов'язаних із продовольчою безпекою та зміною клімату [1].

Підвищення загальної температури та температурні коливання знижують глобальну врожайність сільськогосподарських культур і створюють проблеми міжнародної безпеки щодо продуктів харчування. Для вирішення даної проблеми створено генноредаговані толерантні до високої чи низької температури рослини. Технології редагування генів також використовують для створення рослин, менш сприйнятливих до патогенів, надання нової специфічності існуючим генам стійкості, щоб відповідати еволюціонуючим патогенам, а також для безпосереднього націлювання та зміни ДНК патогенів. На сьогоднішній день редагування геному застосовано до широкого спектру культур, включаючи пшеницю, ячмінь, кукурудзу, бобові, сою, ріпак, томати, цикорій, різні садові рослини, фруктові дерева, лісові дерева, водорості [2].

Первинне редагування (*англ.* Prime editing, PE) — це новіша техніка редагування генів, яка поєднує аспекти CRISPR-Cas9 і редагування основ та дозволяє вносити більш різноманітні та точні модифікації, включаючи інсерції, делеції, без утворення дволанцюгових розривів ДНК [3].

Новий підхід до редагування генів, який називається первинним редагуванням з пролонгованим вікном редагування (*англ.* Prime editing with prolonged editing window, proPE), призначений для підвищення точності та ефективності існуючих методів первинного редагування [4]. Ця методика усуває невідповідності в ефективності та специфічності PE для більш надійних генетичних модифікацій. Цей підхід дозволяє подолати кілька технічних бар'єрів, що обмежують традиційні системи PE. Загальна ефективність редагування за використання proPE підвищена до 6,2 разів, досягнувши 29,3 % успішних редагувань в раніше низькопродуктивних редагуваннях (< 5 % з PE). Також продемонстровано, що proPE може розширити діапазон редагування для алель-специфічних модифікацій з 15 до понад 50 нуклеотидів.

Загалом, висока ефективність та адаптивність proPE можуть ознаменувати значний крок вперед у геномній інженерії.

Література:

1. Bhuyan S., Kumar M., Ramrao Devde P. et al. Progress in gene editing tools, implications and success in plants: a review. *Front. Genome*. 2023. Vol. 5. P. 1272678. DOI: 10.3389/fgeed.2023.1272678
2. Волкова Н.Е. Генноредаговані рослини: досягнення та перспективи (огляд). *Сортовивчення та охорона прав на сорти рослин*. 2024. Т. 20, № 1. С. 24-28. DOI: 10.21498/2518-1017.20.1.2024.300137
3. Chen P.J., Liu D.R. Prime editing for precise and highly versatile genome manipulation. *Nat. Rev. Genet.* 2023. Vol. 24. P. 161–177. DOI: 10.1038/s41576-022-00541-1
4. Krausz S.L., Simon D.A., Bartos Z. et al. ProPE expands the prime editing window and enhances gene editing efficiency where prime editing is inefficient. 2025. *Nat. Catal.* Vol. 8. P. 1100–1116. DOI: 10.1038/s41929-025-01406-6

РЕГУЛЯТОРНА БАЗА ЄС ДЛЯ РОСЛИН, ОТРИМАНИХ ЗА ВИКОРИСТАННЯ НОВИХ ГЕНОМНИХ ТЕХНОЛОГІЙ (NEW GENOMIC TECHNIQUES, NGT)

Волкова Н.Е., доктор біологічних наук
ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», м. Одеса, Україна

Сучасний рівень селекції – це створення сортів рослин за допомогою технологій генного редагування (англ. Gene editing) або так званих нових геномних технологій (англ. New Genomic Techniques, NGT) та їх подальше впровадження в сільське господарство. Вже кілька років в ЄС тривають дискусії щодо вимог, які висуваються до таких рослин, а саме чи мають ці вимоги бути такими ж «жорсткими», як і до генномодифікованих (ГМ) рослин.

Коаліція з 26 європейських асоціацій харчових продуктів та кормів (рис.) виступила з терміновим зверненням до політиків ЄС, закликаючи до швидкого впровадження нових геномних технологій та рішучої відмови від непотрібних нових регуляторних обтяжень. Представляючи широкий сегмент агропродовольчого ланцюга рослинної продукції — від постачальників та фермерів до переробників та виробників продуктів харчування — група наполягає на тому, що впровадження нових геномних технологій має вирішальне значення для зміцнення стійкості та сталості європейської продовольчої системи в умовах зростаючого тиску.



Рис. Перелік європейських асоціацій харчових продуктів та кормів, що виступили зі зверненням на підтримку нових геномних технологій

Асоціації попередили, що поточні дискусії в Європейському парламенті загрожують зірвати ініціативу, додавши складні, науково необґрунтовані обмеження. Вони стверджують, що запропоновані заходи, такі як додаткові

критерії сталості, розширений моніторинг або нові зобов'язання щодо відстеження та маркування для NGT-продуктів створять величезне адміністративне та фінансове навантаження. Коаліція наголосила, що основна мета регулювання NGT полягає в авторизації рослин, подібних до традиційних, за простими, пропорційними умовами та не покладати нові витрати на операторів.

Оскільки європейське сільське господарство стикається зі значними викликами, пов'язаними зі зміною клімату, появою шкідників та скороченням доступних засобів захисту сільськогосподарських культур, коаліція наголосила на нагальній потребі в інноваціях. Вони зазначили, що майже 30 країн світу вже розглядають нові геномні технології як традиційні методи селекції, що ставить ЄС під загрозу подальшого відставання від своїх світових конкурентів. 26 організацій закликали відповідні комісії ЄС прийняти науково обґрунтовану, орієнтовану на майбутнє систему регулювання NGT-рослин, яка підтримуватиме інвестиції, правову визначеність та стратегічну автономію регіону.

На даний час Європейська Рада та Європейський парламент досягли попередньої угоди щодо комплексної регуляторної бази для NGT-рослин, що свідчить про значну модернізацію правил ЄС у сфері агропродовольчої промисловості. Регламент спрямований на підвищення конкурентоспроможності та сталості європейських продовольчих систем шляхом впровадження методів точної селекції. Прихильники розглядають цю угоду як вирішальний крок до розробки кліматично стійких культур, зменшення залежності від хімічних речовин та забезпечення продовольчої безпеки в межах ЄС.

Основою нового регламенту є встановлення двох категорій для NGT-рослин. Рослини категорії 1 (NGT-1), які вважаються еквівалентними рослинам традиційного виведення, оскільки вони можуть виникати природним шляхом або шляхом традиційної селекції, отримають спрощену процедуру. Це означає, що вони будуть звільнені від суворих вимог чинного законодавства щодо ГМ рослин, включаючи необхідність обов'язкового маркування харчових продуктів та кормів, отриманих з них. Однак усе насіння та насінневий матеріал NGT-1 все ще вимагатимуть маркування, а ознаки, що надають стійкість до гербіцидів, чітко виключені з цієї спрощеної категорії.

Натомість, рослини категорії 2 (NGT-2) — ті, що мають складніші модифікації — залишатимуться під дією повного набору чинних правил щодо ГМ рослин, включаючи обов'язкові оцінки ризиків, процедури авторизації та маркування продукції.

Угода також вирішує питання інтелектуальної власності, вимагаючи від компаній розкриття існуючих або очікуваних патентів під час реєстрації продуктів NGT-1, які будуть зареєстровані в публічній базі даних. Ця попередня угода, яка все ще потребує офіційного прийняття як Радою, так і Парламентом, забезпечує необхідну регуляторну ясність для дослідників і селекціонерів, прискорюючи розвиток інноваційних культур по всій Європі.

ДИГЕСТАТ ЯК ПОБІЧНИЙ ПРОДУКТ ВИРОБНИЦТВА БІОГАЗУ: ЙОГО БІОТЕХНОЛОГІЧНИЙ ПОТЕНЦІАЛ У ПІДВИЩЕННІ ПРОДУКТИВНОСТІ АГРОКУЛЬТУР

Гоман Є.К.

Козар М.Ю., кандидат технічних наук, доцент
НТУУ «Київський політехнічний інститут» імені І. Сікорського,
м. Київ, Україна

У процесі анаеробного зброджування біомаси при виробництві біогазу утворюється значна кількість побічного продукту — дигестату, що містить поживні речовини у формах, доступних для рослин. Дигестат є концентрованим джерелом азоту, фосфору, калію, органічного вуглецю та мікроелементів, що робить його цінним агрономічним ресурсом.

Інтерес до використання дигестату сільському господарстві постійно зростає, оскільки він поєднує властивості органічного добрива та біостимулятора росту рослин. За даними численних досліджень, внесення дигестату може підвищувати врожайність культур на 50–80 % порівняно з контролем, забезпечуючи результати, які можна порівняти з мінеральними добривами. Тверді фракції покращують структуру та вуглецевий стан ґрунту, а рідкі — забезпечують швидку доступність азоту.

Вивчення біотехнологічного потенціалу дигестату має важливе значення для створення стійких агротехнологій, зниження залежності від синтетичних добрив та замикання біогеохімічних циклів між енергетичним та аграрним секторами.

Мета дослідження — оцінити ефективність застосування дигестату різного походження у підвищенні продуктивності сільськогосподарських культур, узагальнити результати польових експериментів та аналітичних даних, а також визначити основні біотехнологічні механізми його дії на рослини та ґрунтову мікробіоту.

Проведено аналітичний огляд наукових джерел за ключовими словами щодо біотехнологічного потенціалу дигестату в агросистемах, проаналізовано дані метааналізів, польових досліджень та лабораторних дослідів, що відображають вплив рідких та твердих фракцій дигестату на врожайність та стан ґрунтів.

Згідно з узагальненими результатами метааналізу, ефективність дигестату як добрива можна порівняти з мінеральними системами живлення рослин. У середньому застосування дигестату забезпечує підвищення врожайності приблизно на 80% порівняно з контролем без добрив і лише на 2% поступається показникам при внесенні мінеральних добрив [1]. Такі дані підтверджують високу агрономічну цінність дигестату та його потенціал як альтернативного джерела поживних речовин у системах сталого землеробства, здатного частково чи повністю замінити мінеральні препарати.

Позитивний вплив дигестату проявляється у підвищенні врожайності, а й у поліпшенні біологічної активності ґрунтів. За результатами сучасних

досліджень, високовуглецеві дигестати стимулюють розвиток мікробних угруповань, активізуючи процеси мінералізації та мобілізації поживних речовин, тоді як низьковуглецеві форми мають менш виражену дію [2]. У польових умовах на посівах пшениці озимої в органічній системі землеробства внесення дигестату забезпечувало зростання врожайності на 53–83 % порівняно з контролем, при цьому продуктивність зберігалася навіть при тривалому виключенні мінеральних добрив. Це наголошує на можливості ефективного переходу на повністю органічну систему харчування на основі дигестату без зниження врожайних показників.

Такі результати отримано і кукурудзі. Дворічний польовий експеримент показав, що добрива, що ґрунтуються на дигестаті, забезпечили 95–97 % врожайності, досягнутої за повної норми мінеральних добрив (10,5–11,8 т/га у 2024 році) [3]. Таким чином, навіть при майже повній заміні мінерального азоту на дигестат, рослини демонстрували порівняні темпи росту та формування біомаси. Це вказує на високу агрономічну ефективність та економічну доцільність використання дигестату як основного добрива.

З біохімічної точки зору ефективність дигестату пов'язана з особливостями процесу анаеробного зброджування, який підвищує частку амонійного азоту (NH_4^+) у його складі. Це робить азот доступнішим для рослин вже в перший сезон після внесення [4]. При цьому засвоєння азоту залежить від вихідної сировини та умов зберігання, що потребує оптимізації технології поводження з дигестатом.

Не менш важливим напрямком є поділ дигестату на рідку та тверду фракції, що дозволяє адаптувати застосування до різних агротехнологій. Рідка фракція, багата на розчинні форми нітрогену, фосфору та калію, ефективна для оперативного харчування культур, у тому числі при краплинному або передпосівному внесенні. Тверда фракція діє як джерело органічної речовини тривалої дії, сприяючи накопиченню вуглецю, поліпшенню структури ґрунту та підвищенню його вологості [5]. Комбіноване застосування обох фракцій забезпечує як стабільний врожай, а й довгострокове підвищення родючості.

Використання дигестату є перспективним напрямом не тільки для цілого світу, але й зокрема для України, де тваринництво забезпечує значні обсяги біомаси. Дигестат є ефективним біотехнологічним інструментом, здатним замінити чи суттєво скоротити застосування мінеральних добрив без втрати продуктивності культур. Його використання сприяє зниженню антропогенного навантаження на довкілля, замиканню кругообігу поживних речовин та підвищенню стійкості агроєкосистем при одночасному зниженні витрат на мінеральні ресурси. Інтеграція дигестату в аграрно-енергетичні системи сприятиме скороченню відходів, зменшенню викидів і розвитку сталого сільського господарства.

Висновки. Проведений аналіз свідчить, що дигестат має значний біотехнологічний потенціал як універсальне добриво, що поєднує поживну, структуроутворюючу та мікробіологічно активну дію. Його застосування не лише забезпечує стабільну врожайність на рівні традиційних систем мінерального живлення, а й сприяє поліпшенню фізико-хімічних властивостей ґрунту, накопиченню органічного вуглецю та підтриманню біологічної рівноваги

агроекосистем. В Україні дигестат може стати ключовим елементом замкненого циклу «біоенергетика — землеробство», забезпечуючи раціональне використання органічних відходів, енергетичну самодостатність господарств і екологічну стійкість агровиробництва.

Література:

1. Curadelli F., Alberto M., Uliarte E. M., Combina M., Funes-Pinter I. Meta-Analysis of Yields of Crops Fertilized with Compost Tea and Anaerobic Digestate. *Sustainability*. 2023. Vol. 15, Iss. 2. Art. 1357. DOI: 10.3390/su15021357
2. Midden C., Harris J., Shaw L., Sizmur T., Pawlett M. The impact of anaerobic digestate on soil life: A review. *Applied Soil Ecology*. 2023. Vol. 191. Art. 105066. DOI: 10.1016/j.apsoil.2023.105066
3. Slepetiene A., Ceseviciene J., Amaleviciute-Volunge K., Mankeviciene A., Parasotas I., Skersiene A., Jurgutis L., Volungevicius J., Veteikis D., Mockeviciene I. Solid and Liquid Phases of Anaerobic Digestate for Sustainable Use of Agricultural Soil. *Sustainability*. 2023. Vol. 15, Iss. 2. Art. 1345. DOI: 10.3390/su15021345
4. Möller K., Müller T. Effects of anaerobic digestion on digestate nutrient availability and crop growth: A review. *Engineering in Life Sciences*. 2012. Vol. 12, No.3. P.242–257. DOI: 10.1002/elsc.201100085
5. Satvar Vrbancic M., Petek M., Lazarevic B., Jukic Z., Meers E., Coga L. Solid and Liquid Fraction of Digestate as an Alternative Mineral Nitrogen Source: Two-Year Field Research in Croatia. *Agriculture*. 2024. 14(8):1243. DOI: 10.3390/agriculture14081243.

ГАММА-ПРОМЕНЕВА СТИМУЛЯЦІЯ МІТОТИЧНИХ ПОРУШЕНЬ У КОРЕНЕВИХ КЛІТИНАХ АМАРАНТУ

Гудим О.В., кандидат сільськогосподарських наук, доцент
Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна

Одним із ключових завдань мутаційної селекції рослин є дослідження генетичної активності мутагенних факторів з метою визначення можливості максимального отримання спадкових змін форм. Спонтанні мутації, що виникають у результаті змін у молекулярній структурі генів або в числі та структурі хромосом, є єдиним джерелом появи нових ознак та властивостей у живих організмів. Для створення нових форм використовуються різноманітні мутагенні фактори, які поділяються на фізичні, хімічні та біологічні. До фізичних мутагенів відносять радіацію, механічний вплив, температурні зміни та ультразвук, при цьому найбільш ефективно в практичній селекції застосовують іонізуюче випромінювання, зокрема гамма-промені [1].

Традиційними об'єктами дослідження цитогенетичних ефектів радіаційного опромінення є клітини кореневої меристеми проростків насіння. Аналіз мітотичної активності та частоти виникнення клітин із хромосомними абераціями у перших мітотичних циклах після опромінення дозволяє оцінити рівень первинних ушкоджень генетичних систем та активність репараційних процесів [2]. Одним із найнадійніших показників генетичної мінливості та ушкоджувальної дії мутагенів на клітинному рівні є хромосомні аберації, які залежать від типу та дози мутагену, а також від чутливості клітин різних генотипів [3].

Метою проведеного дослідження було визначення впливу різних доз гамма-променів на частоту мітотичних порушень у клітинах кореневої меристеми сортів амаранту.

У роботі було задіяно три сорти амаранту виду *Amaranthus hypochondriacus*: Сем, Харківський-1 та Студентський. Для отримання цінних у господарському відношенні форм насіння піддавалося обробці фізичними мутагенами, зокрема гамма-випромінюванням із джерела Co^{60} . Використовували дози 10, 15, 30 та 40 Гр. Обробка проводилася в лабораторії гамма-випромінювання Харківського обласного онкологічного диспансеру, відділення променевої терапії, на дистанційній гамма-установці Theratron Elit-80.

Для визначення летальної дози насіння амаранту опромінювали високими дозами (150, 400 та 700 Гр) в умовах ННЦ «Інститут метрології» на установці ДЕТУ 12-05-02.

Контрольним варіантом було насіння амаранту без опромінення.

Аналізуючи спектр мітотичних порушень, слід зазначити, що активність мітозу в корених меристемах амаранту залежить як від дози гамма-опромінення, так і від сорту. Генетичні особливості кожного сорту проявляються у різній частоті хромосомних аберацій при однакових дозах мутагену [4].

У загальному підсумку, за частотою мітотичних порушень у кореневій меристемі сортів Студентський, Харківський-1 та Сем суттєвих відмінностей не

спостерігалось. Проте сорти різнилися за кількістю фрагментів та хромосомних мостів у клітинах, що збільшувалася зі зростанням дози опромінення. Наприклад, у сорту Студентський при дозі 15 Гр було ідентифіковано 9 клітин з порушеннями (0,18 %), з них 4 клітини мали фрагменти, а 5 – мости. При дозі 700 Гр число клітин з порушеннями зросло до 140 (2,8 %), із них 58 – з фрагментами та 82 – з мостами. Для сорту Харківський-1 ці показники становили: 15 Гр – 8 клітин (0,16 %), 3 фрагменти та 5 мостів; 700 Гр – 135 клітин (2,7 %), 60 фрагментів та 75 мостів. У сорту Сем відповідно: 15 Гр – 9 клітин (0,18 %), 5 фрагментів, 4 мости; 700 Гр – 131 клітина (2,62 %), 66 фрагментів та 75 мостів.

Встановлено, що сорти амаранту чутливі до впливу гамма-променів. Спостерігається зменшення мітотичної активності зі збільшенням дози опромінення, що пояснюється змінами у характері та рівні проліферативної активності клітин під впливом іонізуючої радіації. Низькі дози опромінення сприяють підвищенню мітотичної активності та скороченню тривалості мітотичного циклу, тоді як дози у кілька сотень Гр пригнічують мітотичну активність, інколи повністю зупиняючи поділ клітин [5].

Таким чином, вплив гамма-променів змінює перебіг мітозу, що проявляється порушенням формування мітотичного апарату, підвищенням мітотичного індексу та збільшенням частоти мітотичних порушень на рівні веретена поділу, а також у загальній сумарній частоті аберацій.

Література:

1. Iftikhar M., Khan M. *Amaranth. Bioactive Factors and Processing. Technology for Cereal Foods*. 2019. P. 217–232. doi.org/10.1007/978-981-13-6167-8_13.
2. Bonarosa, M., Poggio, L., Greizerstein, E. *Cytogenetic studies in four cultivated Amaranthus (Amaranthaceae) species*. USA: Comp Cytogenet, 2013. V. 7(1). 114 p.
3. Амарант: селекція, генетика та перспективи вирощування: монографія / Гопцій Т. І. та ін. Харків: ХНАУ, 2018. 362 с.
4. Гудим О. В., Гопцій Т. І. Вплив передпосівної обробки насіння амаранту гамма-променями на частоту виникнення мітотичних порушень в кореневій меристемі рослин. *Селекція і насінництво: міжвідомчий тематичний науковий збірник* / НААН, Ін-т рослинництва ім. В. Я. Юр'єва. Харків, 2016. Вип. 109. С. 119–124.
5. Tang Y., Tsao R. Phytochemicals in quinoa and amaranth grains and their antioxidant, anti-inflammatory, and potential health beneficial effects: a review. *Molecular Nutrition & Food Research*. 2017. Vol. 61, No 7. P. 1–16. doi: 10.1002/mnfr.201600767

ДОСЛІДЖЕННЯ ЕФЕКТИВНОСТІ ОКРЕМИХ РЕЧОВИН З АНТИБІОТИЧНОЮ АКТИВНІСТЮ У СИСТЕМІ ЗАХИСТУ ГОРІХУ ВОЛОСЬКОГО ВІД КЛЮЧОВИХ ЗБУДНИКІВ БАКТЕРІАЛЬНОЇ ЕТІОЛОГІЇ

Данкевич Л.А., кандидат біологічних наук

Зарудняк М.І.

Інститут мікробіології і вірусології імені Д.К. Заболотного НАН України,
м. Київ, Україна

У сталому розвитку рослинництва важливу роль відіграє захист рослин від шкідливих організмів, оскільки втрати урожаю від шкідників, хвороб і бур'янів в окремі роки досягають від 30–60 % від можливого урожаю. Тривале інтенсивне застосування хімічних засобів захисту рослин має негативну, часто незворотну, дію на біоценози і не завжди забезпечує очікуваний ефект у захисті насаджень сільськогосподарських культур, особливо від збудників бактеріальної етіології. Останнім часом через тяжкий економічний стан, спричинений інтенсивним веденням воєнних дій в Україні значно зменшилися обсяги застосування засобів захисту рослин та агротехнічних заходів спрямованих на обмеження розповсюдження збудників хвороб. Ситуація ускладнюється тим, що території, в тому числі задіяні у агровиробництві, на яких ведуться бойові дії або дотичних до цих дій є важкодоступними для проведення повноцінного комплексу системи захисту рослин. Тимчасово окуповані території сільськогосподарського призначення, зазвичай, перебувають у занедбаному стані, а отже можуть слугувати місцем для виникнення і розповсюдження епіфітотій спричинених збудниками різної етіології. Так нами при дослідженні насаджень встановлено, що у 70% досліджених регіонів України було виявлено збудник бактеріального опіку, коричневого апікального некрозу та вертикального виразкового раку волоського горіха *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis*, у 29% *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*, що викликає плямистість листя, та на 1%-му досліджених територій ізольовано збудника кореневого раку *Agrobacterium tumefaciens*. У найбільш наближених до зони ведення бойових дій регіонах (Херсонської, Дніпровської і Харківської областей) на відміну від інших зареєстрована одночасна присутність збудників коричневого апікального некрозу і плямистості листя волоського горіха. Ураження в Україні горіха волоського збудником плямистості листя *P. syringae* зареєстровано нами вперше [2].

Нещодавно на ринку засобів захисту рослин України з'явилися препарати що позиціонуються як ті, що мають гарні антагоністичні властивості зокрема і до ряду збудників бактеріальної етіології. Зокрема на ринок України потрапили метаболітні препарати з антимікробною активністю Zhongshengmycin, та Kasugamycin. Слід також наголосити, що окремі всесвітньо відомі компанії додають деякі з цих сполук до складу мідь вмісних препаратів які інтенсивно використовуються в системі захисту, в тому числі, і багаторічних деревних насаджень. Згідно даних літератури Zhongshengmycin це метаболітний препарат, що продукується *Streptomyces lavendulae* var. *hainanensis*, відкритий Науково-

дослідним інститутом біологічного контролю Китайської академії сільськогосподарських наук у 90 роках минулого сторіччя. За хімічною структурою це набір стрептотрицинів від А до F та X, які належать до лужних водорозчинних N-глікозидних сполук із широким спектром антибіотичної дії. Zhongshengmycin широко і тривалий період у світі використовується для контролю та профілактики хвороб сільськогосподарських культур, спричинених збудниками бактеріальної етіології, такими як: бактеріальне м'яке гниття овочевих культур — *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum*, плямистість листя рису — *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, та бактеріальне в'янення картоплі — *Ralstonia solanacearum*. Також у літературі присутні данні щодо антифунгальної активності даного препарату, зокрема: кільцевої гнилі яблуні — *Phylospora piricola* та антракнозу — *Dalbergia odorifera*, *Colletotrichum gloeosporioides* [4]. Kasugamycin — це аміноглікозидний антибіотик (касуваміцину гідрохлорид), який був вперше виділений у 1965 році з штаму *Streptomyces kasugaensis*, знайденого поблизу святилища Касуга в Нарі, Японія. Kasugamycin блокує синтез білка в рибосомах клітин окремих бактерій і грибів, руйнує РНК, і пригнічує активність ферментів. У літературі описана активність збудників хвороб рослин бактеріальної етіології що належать до родів *Pseudomonas*, *Xanthomonas* і *Erwinia*. Зокрема у літературі присутні данні щодо високої активності даного препарату до збудника бактеріального опіку плодових культур *Erwinia amylovora* [3]. Саме тому, метою наших досліджень було вивчення антагоністичної активності препаратів Zhongshengmycin, 120 g/l, SL (PK) та Kasugamycin, 60 g/l, SL (PK) до збудників бактеріальних хвороб горіху волоського в Україні.

У дослідженнях використали штами, виділені з уражених дерев горіху волоського: *Agrobacterium* spp. — 1гор, 3гор, 8гор; *Xanthomonas* spp. — 1ор, 3ор, 1nut, 2 nut, 3 nut, 4 nut, 6 nut, 7 nut, 8 nut, 11 nut, 12 nut, 13 nut, 14 nut, 15 nut, 17 nut. *Pseudomonas* spp. — 4n, 5n, 5 nut, 9 nut, 10 nut, 16 nut. Для порівняльного аналізу в дослідження включено колекцію та типові штами видів, які за літературними даними можуть уражати волоський горіх: *A. tumefaciens* — 8466, 8464, 8461, 8460, 8462, 8465, 8428, 8469, 8463, 8467, 9054, 9053, 8933^T; *X. arboricola* pv. *juglandis* — 8665, 8666, 8865, *P. syringae* pv. *syringae* — УКМ В-1027^T. Для вивчення антагоністичної активності використали препаратів Zhongshengmycin, 120 g/l, SL (PK) (дози рекомендовані виробником) та Kasugamycin, 60 g/l, SL (PK) (нативний препарат і дози рекомендовані виробником). Ефективність дії досліджуваних речовин оцінювали за наступною шкалою, що визначає діаметр зони затримки росту мікроорганізмів (мм): <15 мм — слабочутливі, 15-24 мм — чутливі, >24 мм — високочутливі [1].

В ході досліджень показано, що нативний препарат Kasugamycin, 60 g/l, SL (PK) є високо активним по відношенню як до колекційних так і до ізольованих штамів: *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* від 29 до 31,1 мм, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* від 30,25 до 36,0 мм, *Agrobacterium tumefaciens* від 33,0 до 38,5 мм. Натомість, рекомендовані виробником дози (1,5 л/га) цього ж препарату є мало ефективними проти всіх досліджених штамів бактерій збудників бактеріальних хвороб горіху волоського. Так, середні зони затримки росту для

колекційних і ізолюваних штамів *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* коливалися від 7,0 до 7,6 мм (слабо чутливі), *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* — від 6,5 до 13,5 мм (слабо чутливі), *Agrobacterium tumefaciens* — від 10,6 до 12,4 мм (слабо чутливі). Рекомендовані виробником дози Zhongshengmycin, 120 g/l, SL (PK) (0,75 кг/га) були ще менш ефективними порівняно з Kasugamycin, 60 g/l, SL (PK), 1,5 л/га до всіх досліджуваних штамів фітопатогенних бактерій. Зокрема колекційні штами *Agrobacterium tumefaciens* та *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* виявилися не чутливими до рекомендованих виробником дози Zhongshengmycin 120 g/l (0,75 кг/га). Середнє значення зони затримки росту ізолюваних штамів *Agrobacterium tumefaciens* за дії рекомендованих виробником доз Zhongshengmycin 120 g/l складало 6,0 мм (слабо чутливі), а ізолюваних штамів *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* — 5,85 мм (слабо чутливі). Найбільш чутливим до дії рекомендованих виробником доз препарату Zhongshengmycin 120 g/l (0,75 кг/га) виявився збудник плямистості листя *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*. Середнє значення зони затримки росту за дії даного препарату складає від 12,5 до 15,3 мм (слабо чутливі — чутливі). Отримані нами результати узгоджуються з даними літератури де зазначено що, популяція *Xanthomonas oryzae* в наслідок інтенсивного використання препарату Zhongshengmycin є природно гетерогенною за чутливістю до даного препарату. Крім того інтенсивне і тривале використання препарату потребує коригування дози оскільки у збудників виникає резистентність до даного препарату [4]. Отже, протестовані нами препарати у рекомендованих виробником дозах є слабкоефективними до популяцій ізолюваних в Україні збудників бактеріальних хвороб горіху волоського. Перспективи можливого майбутнього використання даних препаратів у системі захисту горіху волоського полягають у коригуванні норм використання рекомендованих виробником.

Література:

1. Фітопатогенні бактерії. Методи досліджень: монографія / В.П. Патика та ін. Вінниця: Віндрук, 2017. 432 с.
2. Dankevych L.A. et al. Phenotypical Characteristics of Walnut's (*Juglans* sp.) Bacterial Diseases Agent. *Microbiol. J.* 2024. 86(5). 20-31.
3. Johnson K.B., Stockwell V.O., Temple T.N. Evaluation of kasugamycin as a component of an integrated biological and chemical strategy for suppression of blossom blight. *Acta Horticulturae.* 2008. 793. 439-444. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2008.793.67>
4. Wang Q., et al. Elevation of Fatty Acid Biosynthesis Metabolism Contributes to Zhongshengmycin Resistance in *Xanthomonas oryzae*. *Antibiotics.* 2021. 10. 1166. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10101166>

ЕФЕКТИВНІСТЬ АНДРОГЕНЕЗУ *IN VITRO* ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ ЗА ТЕСТУВАННЯ РІЗНИХ РЕГЕНЕРАЦІЙНИХ СЕРЕДОВИЩ

Замбріборщ І.С., кандидат біологічних наук, старший дослідник
Шестопап О.Л., кандидат біологічних наук, старший дослідник
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства
та сортовивчення, м. Одеса, Україна

Культивування пиляків є одним із найефективніших і найпоширеніших методів сучасної біотехнології, який дає змогу швидко отримувати стабільний, генетично однорідний селекційний матеріал. Результативність селекційного процесу значною мірою залежить від різноманітності вихідного матеріалу, яку можна суттєво розширити завдяки використанню сучасних біотехнологічних підходів. Процес андрогенезу *in vitro* посідає провідне місце серед технологій створення подвоєних гаплоїдів у сільському господарстві, адже дозволяє за короткий час і без значних витрат площ формувати нові генотипи пшениці, що вирізняються підвищеною стійкістю до біотичних і абіотичних чинників [1–8].

Одним із визначальних чинників, що впливають на перебіг андрогенезу, є склад живильного середовища, зокрема співвідношення мінеральних солей і фітогормонів. Для індукції ембріогенезу в культурі пиляків пшениці найчастіше застосовують модифіковані варіанти середовищ Мурасіге–Скуга (MS), 190-2, W14 та N6, які відрізняються концентрацією макро- та мікроелементів, а також комбінацією регуляторів росту [1, 2, 6].

Отже, удосконалення сучасних біотехнологічних методів, зокрема оптимізація гормонального та сольового складу регенераційного середовища, є одним із найперспективніших напрямів для підвищення ефективності андрогенезу *in vitro* у пшениці м'якої озимої.

З метою вивчення впливу різних регенераційних середовищ на ефективність процесів регенерації рослин, в культуру *in vitro* введено 3980 ізольовані пилякі (близько 500 шт. на генотип) семи високочутливих до андрогенезу *in vitro* генотипів м'якої озимої пшениці. Висадку пиляків проводили на тверде індукційне живильне середовище 190-2 після попередньої 5-7 добової холодової обробки колосся. Отримані новоутворення пересаджували на три варіанти регенераційного живильного середовища: 190-Cu [2], MS R [4] та SRMC4 [7].

Показано, що усі генотипи виявили високу чутливість до першого етапу андрогенезу (новоутворення - калюс та ембріоподібні структури). Процент новоутворень від кількості висаджених пиляків коливався у межах від $4,07 \pm 0,54$ до $41,72 \pm 4,0$, в середньому – $10,10 \pm 0,48$.

Регенерація рослин у культурі пиляків є складним багатоступеневим процесом, успішність якого значною мірою визначається генетичною природою вихідного матеріалу. Отримані результати підтвердили суттєвий вплив генотипу на андрогенетичну відповідь пиляків пшениці м'якої озимої (рис.).

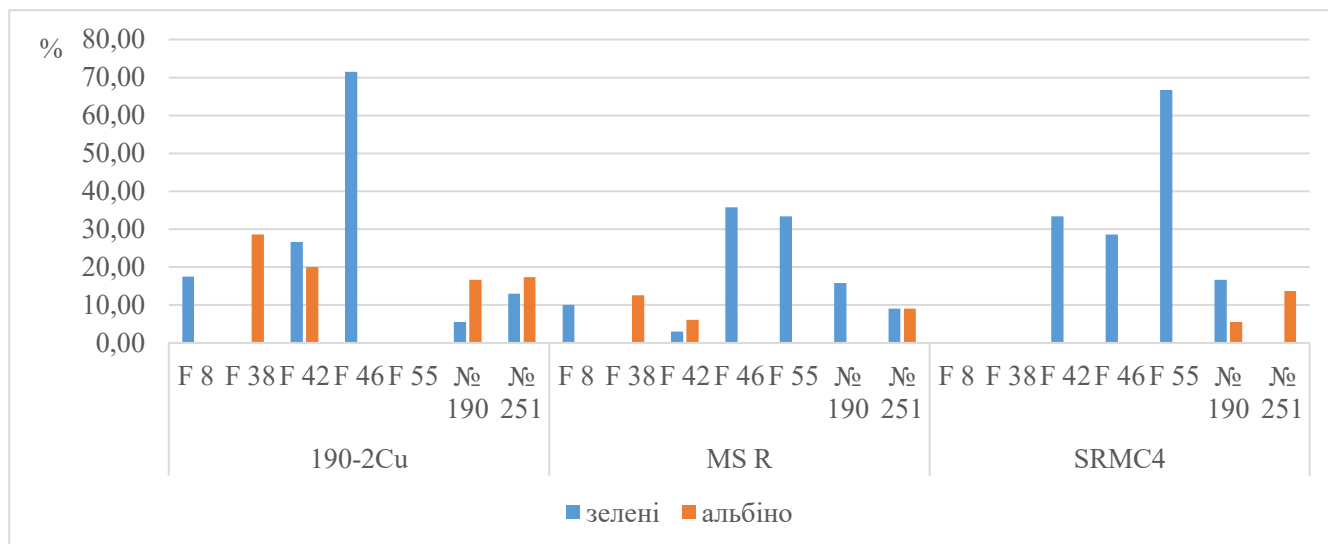


Рис. Частка зелених і альбіно регенерантів у культурі пиляків різних генотипів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.) за трьох типів регенераційних середовищ (190-2Cu, MS R, SRMC4)

Порівняльний аналіз ефективності регенерації рослин на трьох різних живильних середовищах показав подібні тенденції у формуванні зелених та альбіно регенерантів. Середня частка зелених рослин від отриманих новоутворень на різних середовищах достовірно не розрізнялася та складала 15,28 % (MS R), 19,17 % (190-2Cu) та 20,75 % (SRMC4). Водночас частота утворення альбіно рослин істотно відрізнялася: найменшу кількість альбіно регенерантів спостерігали на середовищах MS R та SRMC4 (2,74 % та 3,95 % відповідно), тоді як на середовищі 190-2Cu цей показник був майже у чотири рази вищим — 11,80.

Частота регенерації зелених рослин суттєво варіювала між генотипами. Лише три генотипи регенерували зелені рослини на усіх дослідних середовищах, хоча їх кількісні характеристики були різними (генотипи F42, F46 та №190). Для двох генотипів індукція зелених регенерантів виявилась можливою лише на двох варіантах регенераційного середовища, а в культурі пиляків генотипу F38, незалежно від складу середовища, отримали лише альбіно рослини, що бути зумовлений нестачею світлочутливих пігментів або неузгодженістю експресії ядерних і пластидних генів у процесі регенерації [8].

Таким чином, найбільш вирівняні результати отримано на середовищі MS R: частота зелених регенерантів становила 10–35 %, а кількість альбіно форм — не перевищувала 4 %. Лише один генотип не виявив регенераційної здатності на даному середовищі, що може свідчити про відносно збалансований його склад для більшості генотипів.

Література:

1. Upadhyay Richa. Anther culture for haploid plant production, Editor(s): Avinash Chandra Rai, Ajay Kumar, Arpan Modi, Major Singh, *Advances in Plant Tissue Culture, Academic Press. 2022. Chapter 7. P. 157–174.*<https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90795-8.00004-7>

2. Kanbar, OZ, Lantos C, Chege PK, Kiss E, & Pauk J. Generation of doubled haploid lines from winter wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding material using *in vitro* anther culture. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2020. T.56(4). P.150-158. doi: 10.17221/113/2019-CJGPB.

3. Lytvynenko M. A., Topal M. M., Shestopal O. L., Zambriborshch I. S., Galaev O. V. Udoskonalena tekhnolohiya selekciynogo procesu pshenyci myakoi ozymoi z vykoryctanniam biotekhnolohichnykh i moleculyarno-genetychnykh metodiv. *Naukovo-metodychnyi posibnyk*. Odesa : Astroprint, 2015. 41 p.

4. Zambriborshch I., Shestopal O., Traskovetskaya V., Vasiliev O., Halaiev O., Halaieva M., Afinogenov O., Chekalova M. Obtaining dihaploid lines of winter bread wheat with complex resistance. *Cereal Research Communications*. 2024-01-18. <https://doi.org/10.1007/s42976-023-00466-3>

5. Testillano P.S. Microspore embryogenesis: targeting the determinant factors of stress-induced cell reprogramming for crop improvement. *Journal of Experimental Botany*. 70(11):2965-2978. doi: 10.1093/jxb/ery464.

6. Weigt D., Kiel A., Siatkowski I., Zyprych-Walczak J., Tomkowiak A., Kwiatek M. Comparison of the androgenic response of spring and winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plants (Basel)*. 2019. 9(1). P. 49. doi: 10.3390/plants9010049.

7. Ahmed H. A., Akdogan G., Özcan S. F., Barpete S. Effect of parental genotypes and their reciprocal crosses on haploid plant production by anther culture and confirmation of double haploids by flow cytometry in bread wheat. *Journal of Agricultural Sciences*. 2022. 28(3). 363-371. <https://doi.org/10.15832/ankutbd.825434>

8. Jacquard C., Asakaviciute R., Hamalian A.M., Laplaige J., Pinheiro de Carvalho M.A.A., Macas B., Clement C. Barley anther culture: Influence of medium components and physical environment on the induction of androgenesis. *Plant Cell Reports*. 2009. 28(8). 1199–1210. <https://doi.org/10.1007/s00299-009-0710-7>

ВИКОРИСТАННЯ МЕТОДІВ РОСЛИННОЇ БІОТЕХНОЛОГІЇ ДЛЯ ОТРИМАННЯ ПРЕПАРАТІВ З *EUCALYPTUS* SPP.

Зіміна Л.Ю.

Глущенко О.М., кандидат фармацевтичних наук, доцент
Полова Ж.М., доктор фармацевтичних наук, професор
Національний медичний університет імені О.О. Богомольця,
м. Київ, Україна

Рід *Eucalyptus* spp. родини Миртових налічує понад 900 видів, які походять з Австралії, Індонезії, Індії, Португалії, Південної Африки, Бразилії, Чилі та Франції. У природних умовах ці рослини ростуть у тропічному та субтропічному кліматі, проте деякі види здатні адаптуватися до помірної зони.

В Україні промислове вирощування евкаліпту у відкритому ґрунті можливе переважно у Миколаївській, Херсонській, Одеській областях та у Закарпатті. Крім того, евкаліпт дедалі частіше вирощують як кімнатну рослину, а влітку – у відкритому ґрунті, з подальшим пересаджуванням або утепленням на зиму.

Через обмежену морозостійкість більшості видів, у центральних та північних регіонах евкаліпт культивують у контейнерах із зимовим занесенням у приміщення або в тепличних умовах. У літній період рослина добре розвивається за температури +20...+30 °С і потребує не менше 6-8 годин прямого сонячного освітлення щодня. При вирощуванні в теплицях узимку обов'язковим є додаткове підсвічування, щоб запобігти витягуванню пагонів і втраті декоративності.

Як зазначає Олександр Йовенко (2025) найпридатнішими видами для вирощування в наших умовах є:

— *E. gunnii* (евкаліпт Ганна) - морозостійкіший, витримує короткочасне зниження температури до -20°C. Ідеальний для посадки в садах Півдня та Закарпаття.

— *E. citriodora* (лимонний евкаліпт) - потребує тепла, добре почувається в контейнері чи тепличних умовах.

— *E. globulus* (кулеподібний евкаліпт) - менш стійкий до холоду, але прекрасно росте в кімнатних умовах.

Хімічний склад представників роду *Eucalyptus* spp. характеризується високим вмістом терпеноїдів, поліфенолів, флавоноїдів, стильбенів, полісахаридів, смол і воску. Основними компонентами ефірних олій є монотерпеноїди, серед яких домінує 1,8-цинеол (евкаліптол) [1]. Разом ці сполуки зумовлюють широкий спектр фармакологічної активності: антисептичну, протизапальну, тонізуючу, знеболювальну, седативну та відхаркувальну [2].

Препарати на основі евкаліпта широко застосовуються для лікування інфекційно-запальних захворювань верхніх дихальних шляхів, таких як риніт, фарингіт, бронхіт, а також при міалгіях, артриті, ревматизмі, ішіасі та бактеріальних інфекціях, спричинених *Staphylococcus aureus* [3].

Щорічно до України імпортується 25-30 тон листя евкалипта для виробництва протистафілококового лікарського рослинного препарату «Хлорофіліпту». Вітчизняна фармацевтична промисловість випускає його в різних лікарських формах: 1% етанольний та 2% олійний розчини, 0,25% розчин для ін'єкцій, спрей, таблетки та супозиторії.

З огляду на це, впровадження технологій калусного культивування *Eucalyptus* spp. в Україні має вагому економічну доцільність. Такий біотехнологічний підхід дозволить локалізувати виробництво фармацевтичної сировини, зменшити імпорتنу залежність і забезпечити стабільну якість біомаси з високим вмістом ефірної олії. Калусне культивування *in vitro* також створює умови для річного отримання стандартизованої рослинної сировини незалежно від кліматичних коливань і значно скорочує терміни вирощування.

Технології мікроклонального розмноження та калусного культивування *in vitro* є ключовими інструментами сучасної біотехнології, що дозволяють створювати стандартизовані системи розмноження лікарських рослин із контрольованими умовами росту. Для більшості культур ці методики вже добре розроблені, проте для роду *Eucalyptus* оптимальні схеми культивування досі перебувають на стадії вдосконалення. У світі активно досліджуються процеси соматичного ембріогенезу та органогенезу евкалипту. Проте вони залишаються складними через генотипові особливості, низьку частоту регенерації і труднощі акліматизації отриманих рослин.

Дослідження Arya I. et al. (2009) та Prakash M. et al. (2010) показали, що комбінації ауксинів (NAA) і цитокінінів (BAP) стимулюють калусоутворення та соматичний ембріогенез гібридів *E. camaldulensis*. Rambod Abiri et al. (2020) встановили, що успіх мікроклонального розмноження залежить від балансу фітогормонів та умов середовища. Калусні культури дозволяють індукувати дедиференціацію клітин на середовищі Мурашіге–Скуга з додаванням ауксинів і цитокінінів, а також стимулювати синтез ефірних олій за допомогою еліситорів.

В умовах України вирощування евкалипту у відкритому ґрунті є проблематичним через кліматичні обмеження, тривалий вегетаційний період і необхідність підтримання стабільної вологості. Це робить технології *in vitro*, зокрема калусне культивування, надзвичайно перспективними, адже вони забезпечують безперервне отримання біомаси з високим вмістом біоактивних сполук незалежно від сезону.

Українські дослідники Kokovikhin A. et al. (2023) у статті «Eucalypt Extracts Prepared by a No-Waste Method and Their 3D-Printed Dosage Forms Show Antimicrobial and Anti-Inflammatory Activity» продемонстрували потенціал екстрактів евкалипту для створення інноваційних лікарських форм із антимікробною та протизапальною дією.

Калусні культури евкалипту можуть використовуватися як «біофабрики» вторинних метаболітів – ефірних олій і флавоноїдів. Це дозволяє організувати локальне виробництво фармацевтичної сировини, зменшити імпорتنу залежність (зокрема для «Хлорофіліпту») та розвивати наукоємні біотехнологічні технології в Україні.

Література:

1. Antiviral Activities of Eucalyptus Essential Oils: Their Effectiveness as Therapeutic Targets against Human Viruses / D. Mieres-Castro et al. *Pharmaceuticals*. 2021. Vol. 14, no. 12. P. 1210. <https://doi.org/10.3390/ph14121210>
2. Biological, medicinal and toxicological significance of Eucalyptus leaf essential oil: a review / A. K. Dhakad et al. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2017. Vol. 98, no. 3. P. 833–848. <https://doi.org/10.1002/jsfa.8600>
3. Mansfield S. New Communities on Eucalypts Grown Outside Australia. *Frontiers in Plant Science*. 2016. Vol. 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01812> (date of access: 06.11.2025).

COMPARATIVE TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS OF SALINITY-INDUCED STRESS RESPONSE IN CASSAVA STORAGE ROOTS

Ivanovych Ya., PhD

Institute of Molecular and Cellular Biology of Plants (IBMCP), Valencia, Spain
Swedish University of Agricultural Sciences (SLU), Uppsala, Sweden

Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is a woody, perennial, tuberous shrub in the family Euphorbiaceae. The crop is mainly cultivated for its edible, starchy storage roots, which serve as a source of carbohydrates. For industrial uses, cassava is grown for starch production, as fodder, for bioethanol, and for renewable energy [1, 2].

In 2023, over 333 million tons of fresh tuberized roots were produced worldwide. This is twice the 163 million tons produced in 1993 [3]. Cassava is now one of the world's most valuable staple and carbohydrate-rich food crops after rice, wheat, and maize. It is a vital part of the diet for over 800 million people in tropical and subtropical regions globally [1]. Cassava is mainly grown in the lowland tropics, where conditions vary greatly; only salinity and alkalinity present severe limitations. Cassava is a highly adaptable crop that tolerates drought stress.

Traditional cassava breeding methods, including field trials, have several drawbacks. One major issue is accurately determining the breeding values of parental lines, and the limited understanding of inherited traits of agricultural importance. As a result, producing improved plant lines through conventional breeding can take about 10 years from the initial parental crossing to distributing the enhanced plants [4]. Testing cassava salinity tolerance using a closed root system in field conditions [1] is both time-consuming and labor-intensive. Conversely, a greenhouse [5] is preferable, although it still has limitations. For some time, in vitro culture has been seen as a promising approach for studying plant responses to salt and for quickly selecting tolerant cassava clones [5].

The aim of the study focused on molecular mechanisms of cassava root formation under abiotic stress, including the following objectives: (1) Determining the anatomical effects of salinity on root development; (2) Identifying genes involved in the salinity response of cassava storage roots.

The cassava (*M. esculenta* Crantz) clone of Tropical *Manihot* Series (TMS) 'TMS 60444', a benchmark model cultivar, was used as plant material. Greenhouse-cultivated plants and a cassava in vitro storage root development system (developed in the Agusti J. group, unpublished) were used to study salinity stress response.

Total RNA was extracted using a modified SDS-based method [6]. The library was prepared using a DNBSEQ Eukaryotic Strand-specific mRNA library, and bulk RNA was sequenced on the DNBSEQ platform (MGI) with PE100 length. Raw data were trimmed using SOAPnuke at MGI. The retrieved data were processed using OmicsBox, filtered with Trimmomatic, aligned with STAR, and quantified with HTSeq. Pairwise differential expression analysis of the obtained counts was processed with DESeq2 in RStudio. Variance Stabilizing Transformation (VST) is used for data visualization.

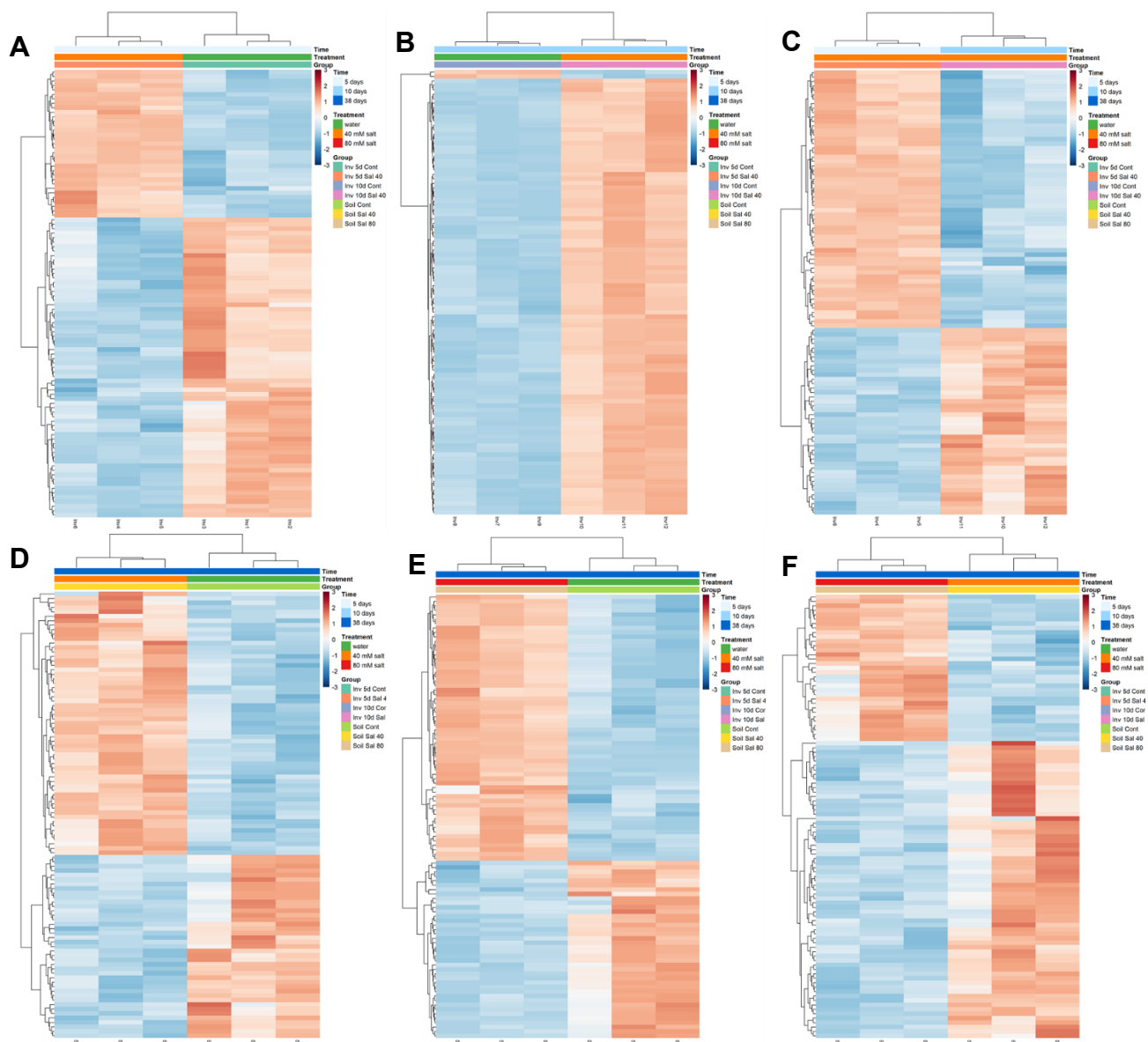


Figure. Heatmap of sample-to-DEGs distance matrix of top 100 variable genes: (A) *in vitro* 5 days 40 mM NaCl vs control; (B) *in vitro* 10 days 40 mM NaCl vs control; (C) *in vitro* 40 mM NaCl 10 days vs 5 days; (D) greenhouse 40 mM NaCl vs control; (E) greenhouse 80 mM NaCl vs control; (F) greenhouse 80 mM NaCl vs 40 mM

Transcriptomic profiling showed that cassava responds differently to NaCl stress depending on the duration and setting (*in vitro* versus soil). Differential expression analysis revealed that treatment with 40 mM NaCl *in vitro* causes a quick, strong, yet temporary transcriptional response — whereas long-term soil salinity results in a sustained, unresolved stress condition with no evidence of adaptation.

Under *in vitro* conditions, salt stress caused immediate transcriptional reprogramming within 5 days, marked by a significant increase in early stress-responsive genes and clear separation from control samples in clustering analyses. This phase likely reflects activation of typical SOS salt-stress pathways, including ion homeostasis, reactive oxygen species detoxification, and ABA-mediated signaling. Between 5 and 10 days, the transcriptional landscape changed significantly: early-response genes were mostly downregulated, while a distinct set of late-response genes

was activated. Although still clearly different from controls, the gene set underlying this response changed substantially, suggesting physiological acclimation rather than ongoing stress. The sustained yet reprogrammed DEG profile at 10 days indicates a shift toward osmotic adjustment and partial recovery of growth-related processes.

In contrast, greenhouse plants exposed to continuous salinity for 38 days showed a highly polarized, dose-dependent transcriptional response indicative of chronic stress. Comparing 80 mM and 40 mM NaCl revealed a qualitative escalation rather than a quantitative increase, indicating that 80 mM represents a toxic threshold. Heatmaps displayed persistent hyperactivation of a core stress gene module and intense repression of growth-related genes, with no reduction in stress signals over time. Importantly, neither salt level showed convergence toward control expression patterns, demonstrating a lack of long-term adaptation in the soil. The tight clustering of biological replicates further supports the robustness of this greenhouse model.

Overall, these results demonstrate that stress duration and growth environment fundamentally shape salt-stress transcriptomes. While *in vitro* systems capture early adaptive responses, soil conditions reflect the transcriptional impacts of prolonged osmotic and ionic stress, highlighting the importance of experimental context in interpreting plant stress responses.

Acknowledgments: YI is grateful for support from the Generalitat Valenciana and Universitat Politècnica de València from 2022 to 2024, which funded this research at the Instituto de Biología Celular y Molecular de Plantas (IBMCP, UPV-CSIC). Additionally, YI appreciates all members of the Plant Signaling Lab and the Agusti Lab.

References:

1. Abiola M. B., Oyetunji O. J. Determining the tolerance of selected cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes to drought and salinity using chlorophyll, phenol, and yield as screening tools. *International Journal of Plant & Soil Science*. 2021. Vol. 33, No. 15. P. 60–73.
2. Abotbina, W., et al. Recent developments in cassava (*Manihot esculenta*) based biocomposites and their potential industrial applications: a comprehensive review. *Materials*. 2022. Vol. 15, No. 19. P. 6992.
3. FAO. FAOSTAT. Crops and livestock products. 2025. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. Mode of access: FAOSTAT database.
4. Bull, S. E., et al. Cassava: constraints to production and the transfer of biotechnology to African laboratories. *Plant Cell Reports*. 2011. Vol. 30, No. 5. P. 779–787.
5. Carretero, C. L., et al. *In vitro–ex vitro* salt (NaCl) tolerance of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) plants // *In Vitro Cellular & Developmental Biology – Plant*. 2007. Vol. 43, No. 4. P. 364–369.
6. Behnam, B., et al. An optimized isolation protocol yields high-quality RNA from cassava tissues (*Manihot esculenta* Crantz). *FEBS Open Bio*. 2019. Vol. 9, No. 4. P. 814–825.

БІОТЕХНОЛОГІЧНІ ПІДХОДИ ДО ВДОСКОНАЛЕННЯ КУЛЬТУРИ ЛЬОНУ ЗВИЧАЙНОГО (*Linum usitatissimum* L.) В УМОВАХ *IN VITRO*

Міщенко С.В.^{1,2}, доктор сільськогосподарських наук

Лавриненко Ю.О.³, доктор сільськогосподарських наук, професор,
академік НААН

Марченко Т.Ю.³, доктор сільськогосподарських наук, професор

¹Глухівський національний педагогічний університет
імені Олександра Довженка, м. Глухів, Україна

²Інститут луб'яних культур НААН України, м. Глухів, Україна

³Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Льон звичайний (*Linum usitatissimum* L.) є однією з найдавніших і найцінніших технічних культур, яку вирощують для отримання волокна, насіння, олії, фармацевтичної та харчової сировини. Упродовж останніх десятиліть культура знову привертає увагу дослідників завдяки своїй біоекономічній важливості, універсальності використання та помітній ролі у сталому розвитку агропромислового виробництва.

Серед головних завдань сучасної селекції льону – підвищення продуктивності, поліпшення якості волокна, стійкості до хвороб і несприятливих умов середовища, проте для отримання інноваційного селекційного матеріалу традиційні методи селекції є тривалими і часто не дають бажаного результату, що зумовлює необхідність використання біотехнологічних методів, зокрема культури ізольованих клітин, тканин і органів *in vitro*.

Методи клітинної культури відкривають можливість:

- соматоклональної і мутагенної мінливості;
- швидкого розмноження цінних генотипів та насіння з низькою схожістю і життєздатністю;
- отримання вихідного матеріалу для генетичної трансформації;
- створення стійких до біо- та абіотичних стресів форм;
- довготривалого збереження генофонду в контрольованих умовах [1, 2].

Також біотехнологічний підхід до вдосконалення культури льону звичайного сприяє переходу до екологічно безпечного виробництва та забезпеченню генетичної стабільності рослинного матеріалу, що є ключовим для майбутнього галузі льонарства.

Мета роботи – вивчення особливостей калюсо- та органогенезу льону звичайного *in vitro* і визначення впливу фітогормонів, генотипу та умов препарати експлантів на ефективність регенерації.

Для досягнення поставленої мети необхідно було:

- 1) визначити оптимальні концентрації регуляторів росту рослин для ініціації калюсоутворення;
- 2) дослідити генотипову мінливість реакцій експлантів і калюсних тканин на різні фітогормональні комбінації;

3) встановити вплив попередньої обробки експлантів на інтенсивність калюсо- і морфогенезу;

4) розробити схему регенерації льону для подальшого використання у селекційній практиці.

Об'єктом дослідження слугували гіпокотильні сегменти різних генотипів *Linum usitatissimum* L. (довгунця) з колекції Інституту луб'яних культур НААН (м. Глухів, Сумська обл.).

Культивування проводили на середовищі Мурасіге і Скуга (MS) [3] із додаванням фітогормонів:

- а) 1-нафтилоцтової кислоти (НОК) – 0,05–0,15 мг/л;
- б) індол-3-оцтової кислоти (ІОК) – 0,05–0,50 мг/л;
- с) 6-бензиламінопурину (БАП) – 1,0–1,75 мг/л.

Для підвищення метаболічної активності перед закладанням на середовище експланти замочували у стерильній воді протягом 20 хв.

Ефективність оцінювали за такими показниками:

- а) частота калюсоутворення (%);
- б) кількість регенованих пагонів;
- с) середня висота рослин-регенерантів;
- д) тривалість періоду від інокуляції до появи морфогенезу.

Експериментальні дані свідчать, що льон звичайний має високий потенціал до калюсоутворення, який істотно залежить від комбінації фітогормонів і генотипу. За наявності НОК (0,1 мг/л) і БАП (1,5 мг/л) відзначалася найвища частота калюсоутворення – до 95 %. Калюси формувалися через 10–14 діб після інокуляції, мали щільну структуру та зеленувато-коричнєве забарвлення, що вказує на активний метаболізм клітин.

Органогенез у калюсах розпочинався на 25–30 день культивування. Переважали зелені органогенні калюси з чітко видимими мікропагінцями. Найвищу частоту органогенезу спостерігали у генотипів UF0401603, UF0401819, UF0402178, UF0401897 (90–92 %). Для решти зразків цей показник коливався в межах 60–80 %. Встановлено, що цитокінін БАП сприяє індукції пагонів, тоді як ауксини НОК, ІОК забезпечують ріст калюсу і стимулюють утворення кореневих зачатків. Збалансоване співвідношення цих речовин є критичним для ефективного морфогенезу.

За результатами комплексного оцінювання найбільш оптимальною виявилася комбінація БАП 1,0 мг/л + НОК 0,05 мг/л [2, 4].

Попереднє замочування експлантів у стерильній воді сприяло підвищенню ефективності калюсогенезу та частоти органогенезу на 10–15 %. Цей ефект пояснюється відновленням клітинного тургору, зменшенням осмотичного стресу та активізацією метаболічних процесів. Отримані калюси мали щільну структуру, зеленувате або світло-коричнєве забарвлення, що свідчило про активний метаболізм і відсутність фенольного потемніння – показника токсичного стресу.

Отримані результати підтверджують, що льон звичайний має значний потенціал для біотехнологічних маніпуляцій. Метод культури клітин, тканин і органів *in vitro* дає змогу прискорити селекційні програми, зберігати рідкісні

генотипи, а також отримувати вихідний матеріал для генетичної трансформації. Біохімічні процеси морфогенезу льону звичайного (довгунця) мають генетичну основу, що відкриває нові можливості для створення селекційних програм на основі біотехнологічних маркерів.

Висока регенераційна здатність льону в умовах *in vitro* створює перспективи для реалізації програм клонального мікророзмноження, створення мутантних форм, отримання нового вхідного селекційного матеріалу через соматоклональну мінливість, а також введення стійких до стресу ознак.

Біотехнологічні методи також мають екологічне значення, оскільки зменшують потребу у великій кількості посівного матеріалу, скорочують термін селекції та сприяють відновленню продуктивних рослин після стресових впливів.

Висновки. У результаті проведених досліджень:

1. Розроблено оптимальну систему калюсо- та органогенезу льону звичайного *in vitro*, що забезпечує частоту регенерації до 95 %.
2. Підтверджено залежність морфогенетичної активності експлантів від генотипу та концентрації фітогормонів.
3. Встановлено, що попередня гідратація експлантів підвищує рівень регенерації на 10–15 %.
4. Отримані результати можуть бути використані у селекційній роботі, для збереження генофонду льону та біотехнологічного вдосконалення культури.

Література:

1. Evtimova M., Vlahova M., Atanassov A. Flax improvement by biotechnology means. *Journal of Natural Fibers*. 2005. Vol. 2, Iss. 2. P. 17–34. https://doi.org/10.1300/J395v02n02_02
2. Міщенко С. В. Культура ізолюваних клітин і тканин льону звичайного (*Linum usitatissimum* L.) в умовах *in vitro*. *The Current State of Fundamental and Applied Natural Sciences Research: Scientific monograph*. Riga: Baltija Publishing, 2022. P. 232–261. <https://doi.org/10.30525/978-9934-26-212-8-11>
3. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. *Physiol. Plant*. 1962. Vol. 15, Iss. 3. P. 473–497. <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1962.tb08052.x>
4. Міщенко С. В. Вплив 1-нафтилоцтової та індол-3-оцтової кислоти на інтенсивність калюсогенезу і органогенезу *Linum usitatissimum* L. в умовах *in vitro*. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2021. Т. 28. С. 100–105. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v28.1383>.

**ANTIMICROBIAL ACTIVITY OF SURFACTANTS SYNTHESIZED
BY *RHODOCOCCLUS ERYTHROPOLIS* IMV Ac-5017 IN THE PRESENCE
OF A BIOLOGICAL INDUCER AND PRECURSORS
OF PHYTOHORMONE BIOSYNTHESIS**

Okhmakevych A.M.¹

Pirog T.P.^{1,2}, Doctor of Biological Sciences, Professor

¹National University of Food Technologies, Kyiv, Ukraine

²Institute of Microbiology and Virology, National Academy of Sciences,
Kyiv, Ukraine

Introduction. A current problem in agriculture is the use of chemical pesticides, which are toxic, pollute ecosystems, contribute to the emergence of multidrug-resistant strains, and pose risks of acute and chronic human poisoning. Phytopathogens constantly pose a threat to crop yields and compromise food security [1]. Surface-active substances of microbial origin are regarded as promising alternative to synthetic agrochemicals due to their antimicrobial activity combined with biodegradability and non-toxicity [2].

It has been previously shown that the surfactants produced by *Nocardia vaccinii* IMV B-7405, synthesized in the presence of precursors of auxin (tryptophan) and gibberellins (erythritol) biosynthesis, exhibit antimicrobial activity against phytopathogenic bacteria [3, 4]. It has been established that the antimicrobial activity of *Rhodococcus erythropolis* IMV Ac-5017 surfactants against opportunistic pathogens can be significantly enhanced by introducing *Saccharomyces* yeasts in various physiological states into the culture medium of the surfactant producer [5].

Research objective. To determine the antimicrobial activity of *R. erythropolis* IMV Ac-5017 surfactants, synthesized in the presence of phytohormone biosynthesis precursors and inactivated *Saccharomyces cerevisiae* BTM-1 cells as an inducer.

Materials and methods. *R. erythropolis* IMV Ac-5017 was cultivated in a medium containing 2% ethanol (v/v), tryptophan (300 mg/l) and erythritol (400 mg/l). Autoclaved *S. cerevisiae* BTM-1 cells were used as an inducer. The concentration of extracellular surfactants was determined gravimetrically after extraction with a modified Folch mixture. The antimicrobial activity of surfactants was evaluated by determining the minimum inhibitory concentration (MIC) using the twofold serial dilution method. The phytopathogenic bacterial strains *Clavibacter michiganensis* 102 and *Agrobacterium tumefaciens* 8628 from the collection of live cultures of the Department of Phytopathogenic Bacteria, D.K. Zabolotny Institute of Microbiology and Virology, National Academy of Sciences of Ukraine, were used as test cultures for determining the biological activity of the surfactants.

Results. It was found that surfactants produced by *R. erythropolis* IMV Ac-5017, formed in an ethanol-containing medium supplemented with tryptophan or erythritol and in the presence of *S. cerevisiae* BTM-1, were characterized by higher antimicrobial activity against phytopathogenic bacteria compared to surfactants obtained during the cultivation of the producer in a medium with one of the precursors of phytohormone biosynthesis but with no inducer.

Thus, the introduction of both erythritol and yeast cells into the cultivation medium was accompanied by the synthesis of surfactants, the minimum inhibitory concentrations of which for *C. michiganensis* 102 and *A. tumefaciens* 8628 were 2.4 and 19.2 times lower, respectively, than those established for surfactants synthesized without an inducer (1.17-2.34 and 2.81-45 µg/ml, respectively).

Similar patterns of antimicrobial activity against these test cultures were observed for surfactants synthesized in a medium containing tryptophan in the presence of *S. cerevisiae* BTM-1. The MIC values of these surfactants produced by the IMV Ac-5017 strain were significantly lower compared to those obtained without the yeast inducer (0.29 and 1.09 µg/ml for *C. michiganensis* 102 and 0.78 and 8.75 µg/ml for *A. tumefaciens* 8628).

Conclusions. Therefore, the conducted studies have established the possibility of a significant enhancement of the antimicrobial activity of *R. erythropolis* IMB Ac-5017 surfactants against phytopathogenic bacteria by introducing inactivated *S. cerevisiae* BTM cells as a biological inducer into the culture medium with precursors of auxin or gibberellin phytohormone biosynthesis.

References:

1. Calefi G.G., Silva N.B.S., Alhatlani B.Y., Abdallah E.M., Martins C.H.G. Harnessing nature's arsenal: sustainable plant-based strategies for phytopathogen control. *Frontiers in microbiology*. 2025. 16. 1588462. DOI: 10.3389/fmicb.2025.1588462.
2. Ashby R.D., Solaiman D.K.Y. Biosynthesis and applications of microbial glycolipid biosurfactants. *Innovative Uses of Agricultural Products and Byproducts*. 2020. Chapter 4. P. 63-82. DOI: 10.1021/bk-2020-1347.ch004.
3. Pirog T., Leonova N., Piatetska D., Shevchuk T. Synthesis of Biologically Active Gibberellins and Surface-Active Substances by *Nocardia vaccinii* IMV B-7405 in the Presence of Erythritol. *Mikrobiolohichni Zhurnal*. 2025. Vol. 87, № 2. P. 34-46. DOI: 10.15407/microbiolj87.02.034.
4. Pirog T., Piatetska D., Leonova N., Shevchuk T. Integrated technology of the surfactants and phytohormones biosynthesis by *Nocardia vaccinii* IMV B-7405 for their use in crop production. *Ukrainian Food Journal*. 2024. Vol. 13, № 1. P. 143-161. DOI: 10.24263/2304-974X-2024-13-1-10.
5. Okhmakevych A., Pirog T., Kliuchka L. Dependence of biological activity of surfactants synthesized by *Rhodococcus erythropolis* IMV Ac-5017 on physiological state of yeast inducer. *Ukrainian Food Journal*. 2025. Vol. 14, № 1. P. 111-126. DOI: 10.24263/2304-974X-2025-14-1-11.

СУЧАСНІ БІОТЕХНОЛОГІЧНІ ПІДХОДИ ДО ПІДВИЩЕННЯ СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКА В УМОВАХ КЛІМАТИЧНИХ ВИКЛИКІВ ДНІПРОПЕТРОВЩИНИ

Чорнорот О.Ю.

Дніпровський політехнічний фаховий коледж, м. Дніпро, Україна

Соняшник (*Helianthus annuus L.*) є однією з провідних олійних культур України, займаючи значну частку в структурі посівних площ Дніпропетровської області. Регіон характеризується континентальним кліматом, нестабільними опадами, частими посухами та високими температурами в літній період. Останні роки, у зв'язку з глобальними змінами клімату, ці чинники стають ще більш вираженими, що негативно впливає на врожайність. Біотехнологічні підходи – від традиційної селекції з використанням молекулярних маркерів до сучасних методів геномного редагування – відкривають нові можливості для створення стійких, високопродуктивних гібридів соняшника.

У доповіді розглянуто сучасні біотехнологічні стратегії підвищення стійкості соняшника до абіотичних стресів, характерних для Дніпропетровського регіону, зокрема посухи та високих температур. Проаналізовано роль маркер-асоційованої селекції, генетичної інженерії, застосування біостимуляторів та мікробних інокулянтів. Підкреслено значення комплексного підходу, що поєднує генетичні інновації з адаптованими агротехнологіями [1].

1. Кліматичні виклики Дніпропетровської області

Дніпропетровщина належить до зони ризикованого землеробства, де природні умови щороку створюють серйозні виклики для агровиробництва, зокрема для вирощування соняшника. Середньорічна кількість опадів у регіоні становить лише 350 – 450 мм, і значна їх частина припадає на весняний та осінній періоди, коли потреби рослин у волозі є відносно меншими. У критичний літній період, особливо під час наливу насіння, спостерігаються тривалі посухи та суховії.

Температури в регіоні нерідко перевищують +35 °С, що спричиняє зниження інтенсивності фотосинтезу та порушення метаболічних процесів у рослинах. Окрім того, надмірна сонячна радіація створює ризик фотопригнічення, коли світлова енергія перевищує можливості фотосинтетичного апарату рослини, викликаючи окислювальний стрес. Такі умови вимагають використання сучасних біотехнологічних та агротехнічних рішень для збереження врожайності [2].

2. Біотехнологічні підходи до підвищення стійкості соняшника

2.1. Маркер-асоційована селекція (MAS). Маркер-асоційована селекція дозволяє швидко і точно відбирати перспективні генотипи соняшника, використовуючи молекулярні маркери, що пов'язані з ознаками посухо- та жаростійкості. Зокрема, особливу увагу приділяють маркерам, асоційованим із генами, що регулюють синтез осмопротекторів – проліну, гліцину-бетаїну та цукрів, які допомагають клітинам утримувати воду та підтримувати стабільність білків під час стресу.

Завдяки MAS можна скоротити селекційний цикл з 8 – 10 років до 4 – 6 років, що є критично важливим у світлі швидких кліматичних змін.

2.2. Геномне редагування та трансгенез. Сучасні інструменти, зокрема CRISPR/Cas9, дають змогу прицільно змінювати або вимикати гени, що обмежують стресостійкість соняшника. Наприклад, можна модифікувати гени, відповідальні за ефективність використання води (WUE – water use efficiency), або підсилити експресію генів антиоксидантних ферментів, таких як супероксиддисмутаза чи каталаза, для нейтралізації вільних радикалів.

Трансгенні підходи також дозволяють інтегрувати гени з інших видів, наприклад, від дикорослих родичів соняшника, що природно ростуть у посушливих умовах [2].

2.3. Біостимулятори та регулятори росту. Використання біостимуляторів – ще один дієвий метод підвищення стійкості рослин. Препарати на основі амінокислот, гуматів, екстрактів морських водоростей стимулюють метаболічні процеси, сприяють розвитку кореневої системи та підвищують ефективність фотосинтезу.

На етапі бутонізації та цвітіння рекомендоване застосування антистресантів, що містять фітогормони, зокрема цитокініни та ауксини, які допомагають підтримати нормальний розвиток репродуктивних органів у період високих температур.

2.4. Мікробні інокулянти та біопрепарати. Мікробні інокулянти, такі як ризобактерії та мікоризні гриби, формують симбіотичні зв'язки з кореневою системою соняшника, підвищуючи доступність фосфору та азоту, а також сприяють накопиченню вологи у ґрунті. Вони також здатні синтезувати природні фітогормони, які стимулюють ріст і розвиток рослин.

В умовах Дніпропетровщини такі препарати допомагають зберегти водний баланс і підтримати активність фотосинтетичного апарату навіть під час тривалих періодів спеки [3].

3. Поєднання біотехнологій з адаптованими агропрактиками

Жодна біотехнологія не буде ефективною без правильного агротехнічного супроводу. У регіоні доцільно:

- оптимізувати строки сівби так, щоб критичні фази розвитку рослин (бутонізація, цвітіння) не збігалися з піковими температурами;
- використовувати мульчування для збереження вологи та зниження перегріву ґрунту;
- запроваджувати крапельне зрошення або системи локального поливу, що дозволяють мінімізувати втрати води та підвищити ефективність її використання.

Інтеграція біотехнологій і адаптованих агропрактик створює синергетичний ефект, забезпечуючи стабільність урожаю соняшника навіть у посушливі та спекотні роки [4].

Висновки. Сучасні біотехнологічні інструменти дають можливість значно підвищити стійкість соняшника до кліматичних стресів, характерних для Дніпропетровщини. Найефективнішим є інтегрований підхід, що поєднує селекційні інновації, геномне редагування, застосування біостимуляторів та

Слава Україні!

мікробних препаратів з оптимізованими агротехнологіями. Це дозволить зберегти стабільну врожайність та підвищити рентабельність виробництва навіть в умовах глобальних кліматичних змін.

Література:

1. Demirbas A. Sustainable sunflower production and climate adaptation. *Agricultural Sciences*. 2017. Vol. 8, No. 4. P. 245–256.
2. Ковалишин С., Петренко А. Біотехнологічні аспекти селекції соняшника в Україні. *Вісник аграрної науки*. 2020. № 5. С. 30–37.
3. Seiler G. J., Qi L. L., Marek L. F. Utilization of wild sunflower species for improving biotic and abiotic stress resistance. *Crop Science*. 2017. Vol. 57, No. 3. P. 1083–1101.
4. Food and Agriculture Organization (FAO). Sunflower production under climate change. Rome : FAO, 2021.

ВПЛИВ АБІОТИЧНИХ СТРЕСІВ НА ПРОДУКТИВНІСТЬ СОЇ ТА ШЛЯХИ ЇХНЬОЇ МІНІМІЗАЦІЇ ЗА ДОПОМОГОЮ СУЧАСНИХ БІОТЕХНОЛОГІЙ

Шевніков М.Я.¹, доктор сільськогосподарських наук, професор
Стеценко А.Р.²

¹Полтавський державний аграрний університет, м. Полтава, Україна

²Відокремлений структурний підрозділ «Аграрно-економічний фаховий коледж
Полтавського державного аграрного університету», м. Полтава, Україна

Соя (*Glycine max* (L.) Merrill) як стратегічна білково-олійна культура світового значення посідає домінантне місце у забезпеченні глобальної продовольчої безпеки та тваринництва високоякісним протеїном через збалансований амінокислотний склад білка, високий вміст олії та значний агротехнічний потенціал. Завдяки симбіотичній азотфіксації соя виступає ключовим елементом сталого землеробства, покращує родючість ґрунту та фітосанітарний стан агроєкосистем. Висока адаптивність та універсальність використання роблять цю культуру незамінною у вирішенні проблеми дефіциту рослинного білка. Українська вітчизняна селекційна школа досягла значних успіхів, створивши сорти сої з урожайністю 4–5 т/га та покращеними якісними показниками [2, с. 20], що відкриває значні перспективи для агропромислового комплексу України.

Незважаючи на високий потенціал культури, реалізація її генетичної продуктивності все частіше обмежується через дію абіотичних стресових факторів, інтенсивність яких посилюється внаслідок глобальних кліматичних змін. Прогнозоване підвищення середньорічної температури на 2–5 °С до кінця століття створює прямі загрози для стабільної врожайності. Рослини в природних умовах постійно зазнають впливу чинників, серед яких найбільш деструктивними є термічний, сольовий, холодовий стреси та токсична дія важких металів. Підвищення температури індукує каскад негативних фізіологічних реакцій: денатурацію білків, порушення цілісності клітинних мембран та метаболічний дисбаланс. Засолення ґрунтів, в свою чергу, провокує осмотичний стрес, що призводить до переокисного окиснення ліпідів, інгібування ферментів та активізації генерації активних форм кисню (АФК), які викликають масштабні пошкодження клітинних структур. Не менш актуальною проблемою є і техногенне забруднення важкими металами (Cd, Cr, Cu, Pb, Hg), що пригнічують мікробну активність ґрунту та виявляють високу токсичність для рослин. Холодовий стрес також є лімітуючим фактором, хоча деякі ендofітні мікроорганізми здатні нівелювати його шкоду шляхом регуляції гормонального балансу рослини [5, с. 24–32].

Беззаперечно, соя є культурою з високими вимогами до умова мінерального живлення, що ускладнюється її специфічною реакцією на фактори середовища. Незважаючи на значну кількість досліджень, питання оптимізації систем удобрення сої залишається дискусійним, особливо для умов Лівобережного Лісостепу України на тлі посилення посушливості [4, с. 6]. Рослини сої споживають елементи живлення нерівномірно. Найбільш проблемним є період «цвітіння — формування бобів», саме коли і поглинається

до 60–75% N, P, K від загальної потреби [1, с. 24; 3, с. 77]. Нестача будь-якого з ключових елементів живлення під час цього періоду провокує абортівність. Важливу роль у підвищенні адаптивного потенціалу сої відіграють сучасні біотехнологічні методи. Завдяки розвитку молекулярної генетики були створені підходи для цілеспрямованої зміни геному організмів. За допомогою модифікації геному сільськогосподарським культурам надають стійкість до шкідників, хвороб та пестицидів, що значно підвищує їхню врожайність. Як приклад, інтродукція в геном сої (*Glycine max*) гена стійкості до гліфосату з бактерії *Agrobacterium tumefaciens* дозволяє створювати рослини, толерантні до цього гербіциду. Дана генетично модифікована соя (ГМС) характеризується високою продуктивністю, не відрізняється за хімічним складом від традиційної та є схваленою для використання в багатьох державах, що є надзвичайно актуальним і важливим. Проте поширюється інформація про можливий негативний вплив ГМС на організми тварин і людини, зокрема про ослаблення імунітету, важкі алергічні реакції та онкологічні ризики [4, с. 44]. Поряд із трансгенезом, досить активно розвиваються напрями використання мікробних препаратів (ендофітів, бактерій PGPR-групи), які покращують доступність елементів живлення та індукують системну стійкість до стресорів, а також біостимуляторів на основі амінокислот та екстрактів, що дозволяють швидко зняти стресове навантаження.

Таким чином, абіотичні стреси є головним викликом на шляху до реалізації потенціалу продуктивності сої. Ефективне вирішення цієї проблеми вимагає застосування інтегрованого підходу, що полягає у поєднанні вирощування генетично адаптованих сортів із науково обґрунтованою системою мінерального живлення та забезпеченні широкого впровадження сучасних біотехнологічних продуктів. Такий комплексний підхід захистить та дозволить зробити реальним сталий розвиток соївництва в Україні.

Література:

1. Алексеев О. О., Мазур О. В. Формування та функціонування симбіотичної системи соя – *Bradyrhizobium japonicum* за умов бактеріальної і вірусної інфекцій в умовах Лісостепу правобережного: монографія. Вінниця: ВНАУ, 2023. 256 с.
2. Дрозда О. В. Сорт як важливий фактор технології вирощування сої. *Зрошуване землеробство*. 2024. Вип. 81. С. 19–23. DOI: <https://doi.org/10.32848/0135-2369.2024.81.3>.
3. Забарна Т. А., Черешнюк В. В. Біологічна азотфіксація, як спосіб підвищення врожайності сої. *Сільське господарство та лісівництво*. 2023. №3 (30). С. 76–91.
4. Заболотний Г. М., Мазур В. А., Циганська О. І., Дідур І. М., Циганський В. І., Панцирева Г. В. Агробіологічні основи вирощування сої та шляхи максимальної реалізації її продуктивності: монографія. Вінниця: ВНАУ, 2020. 276 с.
5. Шопінський В. В., Буценко Л. М. Біотехнологічний потенціал ендоефітних мікроорганізмів у підвищенні стійкості рослин до абіотичних мікроорганізмів у підвищенні стійкості рослин до абіотичних стресів. *Наукові праці Національного університету харчових технологій*. Київ, 2025. Т. 31. №1. С. 22–36.

**Використання біоінформатичних
підходів та нейромереж («штучний
інтелект») як інструментів
в сільському господарстві**

**Application of bioinformatics
approaches and neural networks
(artificial intelligence) in agriculture**

COMPREHENSIVE WEB-BASED PLATFORM FOR ADVANCED PCR DESIGN, GENOTYPING, MOLECULAR DIAGNOSTICS AND SEQUENCE ANALYSIS

Kalendar R., PhD, Professor

Institute of Biotechnology, University of Helsinki, Helsinki, Finland

We present a comprehensive, web-based platform integrating a suite of molecular biology tools tailored to PCR-based applications [1]. Key features include custom multiplex tiling PCR panel design for amplicon sequencing; loop-mediated isothermal amplification (LAMP); allele-specific PCR genotyping assay development; oligonucleotide analysis and design; and *de novo* identification, classification and visualisation of repetitive sequences. The platform supports a wide range of PCR primer design tasks, including standard, multiplex, reverse, long-range, quantitative fluorescence (TaqMan and MGB probe) and bisulphite PCR. In silico PCR analysis ensures primer and probe specificity across diverse applications, including gene discovery via homology analysis, molecular diagnostics, DNA profiling and repeat sequence identification. The multiplex tiling PCR tool is optimised for both next-generation and third-generation sequencing technologies. LAMP primer design includes support for loop primers that target eight distinct regions of the DNA template. The allele-specific PCR module enables the genotyping of single nucleotide polymorphisms, insertions/deletions, multi-nucleotide variants and haplotypes at specific loci. The platform also facilitates the genome-wide identification, masking and clustering of repetitive elements, including interspersed repeats and low-complexity sequences such as simple sequence repeats and telomeres. All tools are freely accessible at <https://primerdigital.com/tools/>.

References:

1. Kalendar R. Comprehensive web-based platform for advanced PCR design, genotyping, synthetic biology, molecular diagnostics and sequence analysis. *Molecular Therapy Nucleic Acids*. 2025. 102716. DOI: 10.1016/j.omtn.2025.102716

ПЕРСПЕКТИВИ ВПРОВАДЖЕННЯ ГЕНЕРАТИВНОГО ШІ ДЛЯ ВИЗНАЧЕННЯ ОПТИМАЛЬНИХ ПРАКТИК АГРОУПРАВЛІННЯ

Котух Є.В., кандидат технічних наук, доцент
НТУ «Дніпровська Політехніка», м. Дніпро, Україна

Сучасне сільське господарство стикається з безпрецедентними викликами, які вимагають кардинального переосмислення традиційних підходів до виробництва продовольства. Стрімке зростання населення, кліматичні зміни, складність адаптації до змін – виклики, що вичерпали рішення, що ефективно керуються людиною. Проблемою є гострий дефіцит кваліфікованих агрономів, особливо в регіонах, що розвиваються, де потреба в експертних консультаціях найбільша. Це обмеження ускладнює впровадження технологій та практик управління культурами, що важливо для забезпечення продовольчої безпеки.

Впровадження генеративного штучного інтелекту (GenAI) представляє собою рішення для системного подолання цих взаємопов'язаних викликів через створення систем, здатних оптимізувати кожен аспект сільськогосподарського виробництва. Найбільш значущим є потенціал ШІ для демократизації доступу до агрономічної експертизи через віртуальних консультантів, які можуть надавати кваліфіковані поради мільйонам фермерів одночасно, незалежно від їх географічного розташування чи економічних можливостей, ефективно вирішуючи проблему дефіциту спеціалістів та забезпечуючи глобальний доступ до передових знань у галузі управління культурами [1]. Таблиця 1 демонструє економічне обґрунтування зростаючому інтересу до технологій ШІ в сільському господарстві.

Таблиця 1.

Ринкові показники ШІ в сільському господарстві

Показник	2023 рік	2024 рік	2025 рік	2026 рік	Темп росту (щорічно)
Глобальний ринок ШІ в с/г	1,7 млрд USD	2,3 млрд USD	2,9 млрд USD	3,5 млрд USD	+0,6 млрд USD
Ринок програмного забезпечення	3,3 млрд USD	4,0 млрд USD	4,7 млрд USD	5,4 млрд USD	+0,7 млрд USD
Потенційний вплив на ВВП країн, що розвиваються	300 млрд USD	350 млрд USD	400 млрд USD	450 млрд USD	+50 млрд USD

Аналіз представлених даних демонструє стабільне зростання ринку технологій штучного інтелекту в сільськогосподарському секторі протягом періоду 2023-2026 років. Глобальний ринок ШІ в сільському господарстві показує впевнене лінійне збільшення з щорічним приростом 0,6 мільярда доларів США, що свідчить про сталу економіку інтересу та попит з боку аграріїв. Така динаміка відображає поступове впровадження ШІ-технологій у виробничі процеси, що підкреслює їх практичну цінність та економічну доцільність для сільськогосподарських виробників.

Особливо примітним є співвідношення між загальним ринком ШІ в сільському господарстві та сегментом програмного забезпечення, де останній демонструє більші абсолютні обсяги та швидші темпи зростання. Ринок програмного забезпечення зростає щорічно на 0,7 мільярда доларів, що на 17% перевищує темпи зростання загального ринку, указуючи на пріоритетність програмних рішень над апаратними компонентами в процесі цифровізації. Цікавим показником є потенційний економічний вплив на валовий внутрішній продукт країн, що розвиваються, який прогнозується зростати на 50 мільярдів доларів щорічно, досягаючи 450 мільярдів до 2026 року. Ця цифра в понад 100 разів перевищує обсяг самого ринку ШІ-технологій, що свідчить про колосальний мультиплікативний ефект впровадження штучного інтелекту в сільське господарство [2].

Еволюція штучного інтелекту в сільськогосподарських застосуваннях демонструє чітку прогресію від базових алгоритмів машинного навчання до складних генеративних систем, кожен з яких відповідає специфічним потребам аграрного сектору. Машинне навчання, як фундаментальна технологія ШІ, знайшло своє практичне втілення в системах точного землеробства, таких як John Deere See & Spray, де алгоритми навчаються розрізняти культурні рослини від бур'янів без необхідності попереднього програмування специфічних правил розпізнавання. Ця технологія революціонує процес обробки полів, дозволяючи застосовувати гербіциди селективно, що значно зменшує хімічне навантаження на довкілля та економить ресурси фермерів. Таблиця 2 демонструє практичні аспекти впровадження ШІ.

Таблиця 2.

Типи ШІ систем у сільському господарстві

Тип ШІ	Опис	Приклади застосування	Ефективність
Machine Learning	Алгоритмічне навчання на основі статистичного аналізу даних з автоматичним виявленням закономірностей	Прецизійні системи селективного застосування агрохімікатів (John Deere See & Spray)	Бінарна класифікація об'єктів з високою специфічністю та чутливістю
Deep Learning	Багатoshарові штучні нейронні мережі з ієрархічним представленням даних та нелінійними трансформаціями	Комп'ютерний зір для мультиспектрального аналізу фітосанітарного стану агроценозів	Діагностична точність 95% при детекції фітопатологій
Generative AI	Імовірнісні моделі генерації контенту на основі навчання розподілів даних та трансформерних архітектур	Конверсаційні агенти для агрономічного консультування та експертні системи підтримки прийняття рішень	Темпоральна ефективність: мілісекундні відгуки vs багатогодинні консультації

Глибоке навчання представляє наступний еволюційний крок у розвитку ШІ для сільського господарства, використовуючи багатoshарові нейронні мережі, що імітують принципи роботи людського мозку для обробки складних візуальних даних. Найбільш вражаючим досягненням цієї технології є 95% точність виявлення хвороб рослин при аналізі супутникових та дронівих зображень, що перевершує можливості навіть досвідчених агрономів у швидкості та надійності діагностики. Здатність deep learning систем обробляти

дані та виявляти ранні ознаки стресу рослин робить цю технологію незамінним інструментом превентивного управління здоров'ям культур.

Функціональний спектр сучасних GenAI систем для сільського господарства охоплює три основні напрямки застосування, кожен з яких вирішує критичні проблеми традиційного агрономічного консультування та управління фермерськими господарствами. Віртуальні агрономічні консультанти представляють найбільш революційну функціональність, дозволяючи фермерам формулювати запити природною мовою та отримувати миттєві відповіді, що базуються на аналізі величезних баз даних агрономічних знань, погодних умов, характеристик ґрунтів та специфіки місцевих сортів культур. Прогнозне моделювання як друга ключова функціональність GenAI систем трансформує реактивний підхід традиційного землеробства у проактивну стратегію управління ризиками та можливостями. Через інтеграцію метеорологічних даних, історичних показників врожайності, аналізу ґрунтових умов та фенологічних моделей розвитку культур, ці системи здатні генерувати точні прогнози впливу погодних умов на врожай, моделювати різноманітні сценарії "що-якщо" для оптимізації сівозмін та визначати оптимальні терміни посадки і збирання врожаю. Діагностична та рекомендаційна функціональність GenAI систем забезпечує інтелектуальну підтримку в найскладніших аспектах управління здоров'ям культур та оптимізації використання виробничих ресурсів.

Ефективність та практична цінність описаних функціональних можливостей GenAI систем знаходить своє емпіричне підтвердження в результатах досліджень та реальних впровадженнь, які демонструють кількісні показники покращення продуктивності, зниження витрат та підвищення сталості сільськогосподарського виробництва.

Таблиця 3.

Огляд комерційних GenAI платформ для сільського господарства

Платформа	Розробник	Функціонал	Охоплення користувачів	Ключові переваги
Bayer Expert GenAI	Bayer + Microsoft	Агрономічні консультації, управління продуктами	Пілотна фаза (США)	Навчання на власних агрономічних даних, відповіді за секунди
Krishi Mitra	ITC + Microsoft	AI-копілот для фермерів	300,000 фермерів (пілот), до 10 млн (планується)	Підтримка місцевих мов, персоналізовані поради
AGPILOT	Headstorm + Azure	Агрономічний роздрібний копілот	Корпоративні клієнти	Інтеграція з Azure Data Manager
FarmVibes.AI	Microsoft Research	Мультимодальний аналіз, прогнозування	Глобальний доступ	Карти ґрунту та врожайності, сценарії "що-якщо"

Проведене дослідження демонструє, що генеративний штучний інтелект перебуває на етапі переходу від експериментальних технологій до практичних інструментів, здатних кардинально трансформувати сільськогосподарське виробництво на глобальному рівні.

Література:

1. Global AI in agriculture market analysis. *AI in Agriculture Market Size & Share, Growth Report 2025-2034*. 2024. URL: gminsights.com.
2. World Economic Forum. *Delivering regenerative agriculture through digitalization and AI*. 2025. URL: weforum.org.

ПОШИРЕНІСТЬ АМІНОКИСЛОТНИХ СИКВЕНСІВ У ВИЩІХ РОСЛИН, ЯКІ ПОДІБНІ СТРУКТУРАМ ХІТИНАЗИ ChiF *STREPTOMYCES COELICOLOR* A3(2)

Поліщук Л.В., кандидат біологічних наук
Інститут мікробіології і вірусології імені Заболотного НАН України,
м. Київ, Україна

Полісахарид хітин синтезується організмами з рекордною швидкістю - понад 1000 тонн на рік. Проте не спостерігається значного накопичення сполуки в навколишньому середовищі тільки завдяки його ефективній утилізації. Здатність гідролізувати полісахарид виявлені у різноманітних організмів, як у таких, що синтезують хітин (гриби, ракоподібні, комахи), так і у несинтезуючих – бактерії, віруси, рослини та вищі тварини [1]. Вважається, що бактерії є основними деструкторами хітину в природі [1, 2]. Встановлено, що у ґрунтах активність гідролізу хітинів корелює з чисельністю в них бактерій [1, 2].

Хітинолітичні ферменти (хітинази) належать до 2 родин глікозил гідролаз - GH18 і GH19. Доведено, що штами стрептоміцетів одночасно можуть містити ензими з обох родин [3]. Встановлено, що саме хітинази з родини GH19 (хітиназа GH19) мають більшу, ніж хітинази родини GH18, антифунгальну активність [4, 5]. Що корелює з великим внеском хітиназ GH19 в імунітет рослин [6]. Значення для імунітету мають обидва домени ензиму [6,7].

Як встановлено, хітинази GH19 в актинобактеріях подібні хітиназам рослин IV класу з родини GH19. Як вважають, попередник сучасних *Streptomycineae* отримав гени хітиназ від вищих рослин, а надалі став їх джерелом для інших актинобактерій [4,5]. Хітиназа C (ChiC) *Streptomyces griseus* HUT6037 була першою хітиназою GH19 зі знайдених в організмі, відмінному від вищих рослин [4].

З часом встановлено значну поширеність хітиназ GH19 у стрептоміцетів – наприклад *S. coelicolor* A3(2), *S. lividans* 66, *S. scabies* MAFF4018, *S. plicatus* ATCC 2548 та ряд інших [8]. Хітинази GH19 штаму *S. coelicolor* A3(2) (ChiG та ChiF) є найбільш ретельно вивченими хітиназами стрептоміцетів (рис.).



Рис. Організація молекул хітиназ GH19 стрептоміцетів.
Схема А – хітиназа ChiF, схема Б – хітиназа ChiG (штам *S. coelicolor* A3(2)).

Домени: ChtBD3 – N-кінцевий домен зв'язування з хітином; каталітичний домен – C-кінцевий домен, що здійснює гідроліз хітину

Встановлено, що всі стрептоміцетні хітинази GH19 містять однакові каталітичні домени (з номером в базі даних доменів CDD:381595), що належать до субродина доменів cl00046.

Як повідомлено вище, вважають, що хітинази GH19 були отримані мікроорганізмами в наслідок горизонтального переносу [4]. На даний час визначено мільйони амінокислотних послідовностей протеїнів рослин з різних таксономічних груп. Становить інтерес встановити присутність в первинних структурах протеїнів рослин з класу *Embryophyta* послідовностей, що подібні структурам хітиназ GH19 стрептоміцетів.

Біоінформатичний пошук рослинних послідовностей здійснювали за допомогою програми BLASTP. В якості ЗАПИТУ використовували амінокислотну послідовність хітинази ChiF штаму *S. coelicolor* A3(2) (CAB42954.1). Встановили фільтр відбору результатів у розмірі порогу достовірності: показник покриття (Query coverage) понад 30%, а показник подібності (Identity) понад 25% [9]. Було встановлено широке поширення послідовностей подібних структурі ЗАПИТУ в молекулах протеїнів вищих рослин. BLASTP-аналізом було відібрано 4965 послідовностей 610 організмів. Найбільше послідовностей (4289 фрагментів) було виявлено у рослин з класу *Spermatophyta* (589 рослини). Наприклад у 16 рослин з родини *Pinidae* було показано наявність 109 гомологічних послідовностей.

Однак, не зважаючи на значні показники покриття послідовностей, показники їх ідентичності досить низькі. Виявлено 218 послідовностей з показником покриття від 80% до 100% (зона високої достовірності). Найбільший показник подібності не перевищував 64%.

Необхідно відмітити, що більшість послідовностей рослин демонструють подібність до сиквенсу каталітичного домену ЗАПИТУ. Майже 2150 відібраних послідовностей з вибірки депоновані в базу даних як хітинази GH19. Більшість інших сиквенсів в складі молекул містять каталітичні домени хітиназ GH19.

Серед хітиназ у виборці є хітинази GH19 як з доменом зв'язування (як приклад XP_057862196.2, CAM6105825.1), так і без нього (KAG6726836.1, EFJ11041.1). Необхідно відмітити, в той час, як молекули всіх хітиназ GH19 стрептоміцетів містять однакові каталітичні домени (CDD:381595), в рослинних хітиназах GH19 можуть містити різні каталітичні домени (наприклад CDD:481035, CDD:459702, CDD:381595). Крім того, молекули хітиназ стрептоміцетів містять домени зв'язування 3 типів (CDD:213175 CDD:444668 CDD:213178) в молекулах хітиназ GH19 рослин містяться інші (наприклад CDD:459705, CDD:211311, CDD:214593, CDD:211312)

Як встановлено, багато з протеїнів рослин мають первинні структури їх молекул подібні амінокислотній послідовності хітинази ChiF штаму *S. coelicolor* A3(2). Значення показників подібності перевищують порогові значення. Проте необхідно визначити чи відрізняються комплекти амінокислотних залишків, що утворюють ферментативні центри каталітичних доменів як тих, які гідролізують субстрат, так і тих, які зв'язуються з ним.

Література:

1. Veliz E. A., Martínez-Hidalgo P., Hirsch A. M. Chitinase-producing bacteria and their role in biocontrol. *AIMS Microbiology*. 2017. Vol 3. N 3. P. 689–705. doi: 10.3934/microbiol.2017.3.689.
2. Kielak A. M., Cretoiu M. S., Semenov A. V., Sorensen S. J., van Elsas J. D. Bacterial chitinolytic communities respond to chitin and pH alteration in soil. *Applied and Environmental Microbiology*. 2013. Vol. 79. N 1. P. 263–272. doi: 10.1128/AEM.02546-12
3. Prakash N. A. U., Jayanthi M., Sabarinathan R., Sabarinathan R., Kanguane P., Mathew L., Sekar K. Evolution, homology conservation, and identification of unique sequence signatures in GH19 family chitinases. *Journal of Molecular Evolution*. 2010. Vol. 70. N 5. P. 466–478. doi: 10.1007/s00239-010-9345-Z.
4. Brzezinska M. S., Jankiewicz U., Walczak M. Biodegradation of chitinous substances and chitinase production by the soil actinomycete *S. rimosus* *International Biodeterioration and Biodegradation*. 2013. № 84. P. 104–110. <http://doi.org/10.1016/j.ibiod.2012.05.03>
5. Ohno T., Armand S., Hata T., Nikaidou N., Henrissat B., Mitsutomi M., Watanabe T. A modular family 19 chitinase found in the prokaryotic organism *Streptomyces griseus* HUT 6037 *J Bacteriology*. 1996. Vol.178. N 17). P. 5065–5070. doi: 10.1128/jb.178.17.5065-5070.1996.
6. Ma J., Long Y., Fu J., Shen N., Wang L., Wu S., Li J., Chen Q., Zu Q., Deng X. Genome-wide identification and expression analysis of the GH19 chitinase gene family in Sea Island Cotton. *Curr. Issues Mol. Biol.* 2025. Vol. 47. 633. <https://doi.org/10.3390/cimb47080633>
7. Shobade S. O., Zabolina O. A., Nilsen-Hamilton M. Plant root associated chitinases: structures and functions. *Frontiers in plant science*. 2024. Vol. 15. 1344142. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1344142>
8. Watanabe T., Kanai R., Kawase T., Tanabe T., Mitsutomi M, Sakuda S., Miyashita K. Family 19 chitinases of *Streptomyces* species: characterization and distribution. *Microbiology* .1999. Vol. 145, № 12. P. 3353–3363. DOI: 10.1099/00221287-145-12-3353
9. Ben Boubaker R., Tiss A., Henrion D., Chabbert M. Homology modeling in the twilight zone: improved accuracy by sequence space analysis. In: Filipek, S. (eds) Homology Modeling. *Methods in Molecular Biology*. (Clifton, N.J.). 2023. Vol. 2627. P. 1-23. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2974-1_1

**Молекулярна діагностика
та ідентифікація патогенів рослин**

**Molecular diagnostics and identification
of plant pathogens**

КОЛЕКЦІЯ КУЛЬТУР ФІТОПАТОГЕННИХ БАКТЕРІЙ - ОСНОВА ДІАГНОСТИКИ ТА КОНТРОЛЮ ХВОРОБ АГРОКУЛЬТУР

Буценко Л.М., доктор біологічних наук

Пасічник Л.А., доктор біологічних наук

Гнатюк Т.Т., кандидат біологічних наук

Житкевич Н.В.

Інститут мікробіології і вірусології імені Д.К. Заболотного НАН України,
м. Київ, Україна

Колекції мікроорганізмів відіграють ключову роль у наукових дослідженнях, медицині, біотехнології, сільському господарстві й біобезпеці. За даними World Data Centre for Microorganisms (WDCM, <https://www.wdcm.org/>) станом на листопад 2025 року у світі зареєстровано 883 колекції культур мікроорганізмів у 80 країнах світу [1]. Ці установи не лише зберігають біологічні ресурси, а й встановлюють стандарти таксономії і ідентифікації, біоетики та доступу до мікроорганізмів.

Зважаючи на тісний взаємозв'язок між мікроорганізмами і рослинами та критичне значення мікроорганізмів у рослинництві у світі налічуються сотні колекцій, які зберігають мікроорганізми асоційовані із рослинами: як патогенні, так і симбіотичні (табл. 1).

Колекції культур фітопатогенних бактерій є стратегічним ресурсом для забезпечення продовольчої безпеки, охорони біорізноманіття та розвитку науки. Вони виконують роль «біологічних архівів» і гарантії біобезпеки, дозволяючи відстежувати еволюцію, поширення й мінливість бактеріальних патогенів [2]. Саме колекції надають безцінний матеріал для таксономічної ревізії та розробки діагностичних тестів.

Дані колекцій застосовують для пошуку біологічних агентів і створення біопрепаратів. Завдяки різноманітності штамів і добре задокументованим метаданим (походження, хазяїн, рік ізоляції) колекції дають змогу досліджувати міжштамові відмінності у вірулентності, антагонізмі, стійкості до стресів. Це створює базу для добору потенційних антагоністів патогенів і розробки біоконтрольних засобів, що замінюють хімічні пестициди.

Колекція фітопатогенних бактерій, яка є частиною Української колекції мікроорганізмів, створена у відділі фітопатогенних бактерій Інституту мікробіології і вірусології імені Д.К. Заболотного НАН України, є найбільшою та найповнішою у Східній Європі. Колекція нараховує біля 2 тисяч штамів 200 видів та патоварів фітопатогенних бактерій і постійно поповнюється новими штамми з різних країн світу.

У колекції відділу фітопатогенних бактерій зберігаються штами збудників хвороб широкого кола сільськогосподарських, деревних, квіткових культур, зокрема представники видів: *Pseudomonas syringae* van Hall 1902, *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* (Jones 1901) Hauben et al. 1999, *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* (Smith 1910) Dawis et al. 1984, *Pectobacterium carotovorum* subsp. *atrosepticum* (van Hall 1902) Hauben et al. 1999, *Pectobacterium*

carotovorum subsp. *betavosculorum* Thomson et al. 1981, *Dickeya chrysanthemi* (Burkholder et al. 1953) Samson et al. 2005, *Pantoea agglomerans* (Ewing et Fife 1972) Gavini et al. 1989, *Agrobacterium tumefaciens* (Smith and Townsend 1907) Conn 1942 (Approved Lists 1980), *Xanthomonas campestris* (Pammel 1895) Dowson 1939, *Xanthomonas vesicatoria* (Doidge 1920) Vauterin et al. 1995.

Таблиця.

Найбільші світові колекції, що зберігають асоційовані із рослинами мікроорганізми, в тому числі фітопатогени

Установа	Загальновизнане скорочення	Країна	Напрямок роботи
Centre for Agriculture and Bioscience International	CABI Culture Collection	Велика Британія	Фітопатогенні гриби
National Collection of Plant Pathogenic Bacteria	NCPBP	Велика Британія	Колекція спеціалізується на бактеріях-патогенах рослин
Collection Française de Bactéries Phytopathogènes	CIRM-CFBP	Франція	Колекція спеціалізується на бактеріях-патогенах рослин
Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen	DSMZ	Німеччина	Бактерії, гриби, віруси, в тому числі фітопатогенні види
American Type Culture Collection	ATCC	США	Типові штами, включно з фітопатогенами
International Collection of Microorganisms from Plants	ICMP	Нова Зеландія	Мікроорганізми асоційовані з рослинами, в тому числі фітопатогени
Japan Collection of Microorganisms	JCM	Японія	Широкий спектр мікроорганізмів, в тому числі асоційовані з рослинами
ARC-PPRI Plant Pathogenic and Plant Protecting Bacteria Collection	PPPPB	ПАР	Асоційовані з рослинами бактерії, в тому числі фітопатогени

Наявність колекції фітопатогенних бактерій дозволяє вирішувати різноманітні проблеми стосовно систематики і екології фітопатогенів, вивчення їх біологічних властивостей, питання біоконтролю бактеріозів.

Колекція використовується для вирішення фундаментальних і прикладних задач, як співробітниками Інституту мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного та і співробітниками інших наукових і комерційних установ:

- діагностика та верифікація фітопатогенів;
- розробка серологічних тестів (зокрема для *Pseudomonas syringae*);
- вивчення епідеміології бактеріальних хвороб агрокультур;
- виявлення джерел інфекцій у різних екосистемах (у тому числі сегетальній рослинності і водних рослинах);
- дослідження біологічно активних речовин, які мають потенціал для застосування у захисті рослин.

Необхідно пам'ятати, що геномні дані на сьогодні не можуть замінити живі культури, адже багато властивостей патогенів — вірулентність, життєздатність, взаємодія з рослинами — не відображаються у ДНК-послідовностях. Регулярне надходження до колекції нових штамів фітопатогенних бактерій є необхідною умовою ефективного епідеміологічного моніторингу, розробки діагностики й прогнозування майбутніх фітопатологічних загроз.

Література:

1. Wu L., Sun Q., Desmeth P., et al. World data centre for microorganisms: an information infrastructure to explore and utilize preserved microbial strains worldwide. *Nucleic Acids Res.* 2017. Vol. 45(D1). D611-D618. doi:10.1093/nar/gkw903
2. Broders K., Aspin A., Bailey J., Chapman T., Portier P., Weir B.S. Building More Resilient Culture Collections: A Call for Increased Deposits of Plant-Associated Bacteria. *Microorganisms.* 2022. Vol. 10, No 4. P. 741. doi:10.3390/microorganisms10040741
3. Патика В. П., Пасічник Л. А. Фітопатогенні бактерії: фундаментальні і прикладні аспекти. *Вісник Уманського національного університету садівництва.* 2014. № 2. С. 6–11.

МОЛЕКУЛЯРНО-МАРКЕРНА ДЕТЕКЦІЯ *FUSARIUM OXYSPORUM* F. SP. *VASINFECTUM* У БАВОВНИКУ (*GOSSYPIUM* L.)

Дроздов Г.І.¹

Сліщук Г.І.², кандидат біологічних наук

Волкова Н.Е.², доктор біологічних наук, старший науковий співробітник

¹Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, м. Одеса, Україна

²Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
м. Одеса, Україна

Глобальні кліматичні зміни створюють сприятливі умови для вирощування бавовнику (*Gossypium* L.) в Україні, роблячи економічно доцільним культивування культури, яка раніше вважалася нетиповою для країни. Попри те, що значну частину колекції сортів української селекції знищено внаслідок війни, українські вчені продовжують підтримувати й розмножувати ту частину колекції, яку вдалося зберегти [1]. Бавовник використовується не лише в текстильній промисловості, але також при виробництві бездимного (нітроцелюлозного) порошку, що є актуальною задачею для сучасної України. Однак, інтродукція та поширення нової культури створює нові фітопатологічні ризики. Це вимагає розробки ефективних методів раннього прогнозування та діагностики небезпечних патогенів.

Одним з найбільш шкочинних та поширених захворювань бавовнику у світі є фузаріозне в'янення (*fusarium wilt*), яке викликається грибом *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum*. Патоген колонізує судинну систему, блокуючи транспорт води, що призводить до повної загибелі рослини. Основними симптомами є в'янення та пожовтіння листя, згодом уражене листя стає коричневим, засихає та відмирає, а судинні тканини набувають коричневого кольору. Хвора рослина також демонструє загальну затримку росту. Збудник може виживати у ґрунті у високих концентраціях понад 10 років, навіть після вирощування інших культур [2]. Окрім цього, хвороба може поширюватися через інфіковане насіння. Як тільки поле заражене, грибок стає ендемічним, і наразі не існує економічно вигідних засобів для його повного видалення з ґрунту.

За первинною класифікацією виділяли вісім рас *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, однак сучасна класифікація на основі генетичних даних об'єднує раси 3 і 5 та 4 і 7, виділяючи 6 основних рас [3]. Раси відрізняються за патогенністю до різних видів бавовнику, географічним походженням та механізмами зараження. Особливу загрозу становить раса 4 (VCG0114), яка не потребує наявності нематод для зараження і здатна викликати хворобу на стійких сортах.

В межах раси 4 існує складна внутрішня структура. На основі унікальних вставок мобільних генетичних елементів у гені *PHO*, який кодує фосфатну пермеазу, раса 4 поділяють на чотири генотипи: Т (*TfoI*), що має вставку *TfoI* (transposon of *F. oxysporum*), МТ (*MULE/TfoI*), з другою вставкою *MULE* (mutator-like transposon element) всередині *TfoI* та МіТ (*MITE/TfoI*), з другою вставкою *MITE* (miniature inverted-repeat transposable element) всередині *TfoI*. Натомість

генотип N (Null) характеризується відсутністю вставки в гені *PHO*, але має ідентичний мобільний генетичний елемент *Tfo1*, інтегрований у ген *NAT*, що кодує білок N-ацетилтрансферазу [4-6].

Сучасним золотим стандартом детекції фітопатогенів є метод полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). Але специфічні ПЛР-тести розроблені тільки для раси 4 *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, тоді як для інших рас опис специфічних тестів у відкритих джерелах або відсутній, або тести не валідовані. Так, розроблено кількісний ПЛР-тест для детекції генотипів N, T, MT та MiT раси 4 з використанням барвника SYBR Green [7]. Цей метод ефективний, але може давати хибнопозитивні результати через детекцію неспецифічних продуктів та потребує додаткового етапу візуалізації (гель-електрофорезу). Для підвищення точності та надійності аналізу необхідно використовувати специфічні флуоресцентні TaqMan-зонди для ПЛР у режимі «реального часу». Перевагами такого підходу також є відсутність необхідності додаткового етапу візуалізації, що значно скорочує термін виконання аналізу. Отже, метою нашого дослідження є розробка саме TaqMan-системи детекції раси 4 *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*.

Біоінформатичними методами нами розроблено дизайн TaqMan-зонду, специфічного до консервативного регіону мобільного елемента *Tfo1*, спільного для всіх генотипів раси 4 *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*. Даний регіон фланкують праймери FOV4 A3-2018 [7]. Проведено первинну валідацію розробленої системи *in silico* шляхом аналізу специфічності праймерів та зонду в генбанку NCBI [8].

Аналіз *in silico* підтвердив, що розроблена система є високоспецифічною до цільової послідовності. Ампліфікацію встановлено для 21 нуклеотидної послідовності раси 4 *F. oxysporum* f. sp. *Vasinfectum* (всіх наявних в генбанку станом на 10.11.2025 р.). З послідовностями інших рас *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, інших поширених фітопатогенних грибів та геному рослини-господаря значущої гомології праймерів та зонду не встановлено. Позитивні результати *in silico* є основою для подальшої лабораторної перевірки системи *in vitro*.

Таким чином, розроблена TaqMan-система дозволить специфічно ідентифікувати всі чотири відомі генотипи раси 4 (N, T, MT та MiT) *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*. Використання даної системи забезпечить високу точність діагностики та стане ефективним інструментом для моніторингу й раннього виявлення патогену на безсимптомній стадії з метою запобігання його поширенню.

Література:

1. Vozhehova R., Borovyk V., Zaiets S., Serhieiev L., Kohut I. Ecological plasticity and sustainability of cotton in the Southern Steppe of Ukraine. *Scientific Horizons*. 2024. Vol. 27, No 2. P. 43–53. DOI: 10.48077/scihor2.2024.43
2. Smith S. N., DeVay J. E., Hsieh W. H., Lee H. J. Soil-borne populations of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum*, a cotton wilt fungus in California fields. *Mycologia*. 2001. Vol. 93, No 4. P. 737–743. DOI: 10.1080/00275514.2001.12063205

3. Halpern H., Qi P., Kemerait R., Brewer M. Genetic diversity and population structure of races of *Fusarium oxysporum* causing cotton wilt. *G3: Genes|Genomes|Genetics*. 2020. Vol. 10. P. 3261–3269. DOI: 10.1534/g3.120.401187
4. Ortiz C. S., Bell A. A., Magill C. W., Liu J. Specific PCR detection of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* California race 4 based on a unique *TfoI* insertion event in the *PHO* gene. *Plant Disease*. 2017. Vol. 101, No 1. P. 34–44. DOI: 10.1094/PDIS-03-16-0332-RE
5. Bell A. A., Gu A., Olvey J., Wagner T. A., Tashpulatov J. J., Prom S., Quintana J., Nichols R. L., Liu J. Detection and characterization of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* VCG0114 (race 4) isolates of diverse geographic origins. *Plant Disease*. 2019. Vol. 103, No 8. P. 1998–2009. DOI: 10.1094/PDIS-11-18-2070-RE
6. Liu J., Wagner T. A. Detection and genotyping of Fov4 (Race 4, VCG0114), the fusarium wilt pathogen of cotton. *Method Mol. Biol.* 2022. Vol. 2391. P. 191–205. DOI: 10.1007/978-1-0716-1795-3_16
7. Davis R. L. II, Isakeit T., Chappell T. M. DNA-based quantification of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* in environmental soils to describe spatial variation in inoculum density. *Plant Disease*. 2022. Vol. 106, No 6. P. 1653–1659. DOI:10.1094/PDIS-08-21-1664-REO
8. National Center for Biotechnology Information (NCBI). Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information; 1988. [cited 2025 Nov 10]. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Дякуємо закладам, які взяли участь у конференції:

Genetics Institute of Evolution, University of Haifa, Haifa, Israel
Institute of Biotechnology, University of Helsinki, Helsinki, Finland
Institute of Molecular and Cellular Biology of Plants (IBMCP), Valencia, Spain
Swedish University of Agricultural Sciences (SLU), Uppsala, Sweden
ВГО «Українське товариство генетиків і селекціонерів імені М.І. Вавилова», Україна
Відокремлений структурний підрозділ «Аграрно-економічний фаховий коледж Полтавського державного аграрного університету», м. Полтава, Україна
Глухівський національний педагогічний університет імені Олександра Довженка, м. Глухів, Україна
Державна установа Інститут зернових культур Національної академії аграрних наук України, м. Дніпро, Україна
Державний біотехнологічний університет, м. Харків, Україна
Дніпровський політехнічний фаховий коледж, м. Дніпро, Україна
Дослідна станція «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва НААН, с. Крути, Чернігівська обл., Україна
ДУ «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України», м. Київ, Україна
Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН, м. Одеса, Україна
Інститут луб'яних культур НААН, м. Глухів, Україна
Інститут мікробіології і вірусології імені Д.К. Заболотного НАН України, м. Київ, Україна
Інститут мікробіології і вірусології імені Заболотного НАНУ, м. Київ, Україна
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ, Україна
Інститут рослинництва імені В.Я. Юр'єва НААН України, м. Харків, Україна
Лозівська філія Харківського автомобільно-дорожнього фахового коледжу, м. Харків, Україна
Навчально-науковий інститут біології, хімії та біоресурсів Чернівецького національного університету імені Юрія Федьковича, м. Чернівці, Україна
Національний медичний університет імені О.О. Богомольця, м. Київ, Україна
Національний університет харчових технологій, м. Київ, Україна
НТУ «Дніпровська Політехніка», м. Дніпро, Україна
НТУУ «Київський політехнічний інститут» імені І. Сікорського, м. Київ, Україна
Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, м. Одеса, Україна
Полтавський державний аграрний університет, м. Полтава, Україна
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства і сортовивчення, м. Одеса, Україна
ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», м. Одеса, Україна
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, м. Чернівці, Україна

**Матеріали II Міжнародної науково-практичної конференції
«Молекулярна генетика, селекція та біотехнологія
агрокультур: досягнення та виклики»**

12 листопада 2025 року

*Тези друкуються в авторській редакції з мінімальними технічними правками.
Автори несуть відповідальність за дотримання вимог академічної доброчесності,
зміст і достовірність представлених матеріалів.*

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН
вул. Маяцька дорога, 24, смт Хлібодарське
Одеський район, Одеська область
Україна, 67667
e-mail: icsanaas@ukr.net, сайт: www.icsanaas.com.ua

Materials of the II International Scientific and Practical Conference
**"Molecular Genetics, Breeding and Biotechnology of Agro-Cultures:
Achievements and Challenges"**

November 12, 2025

The abstracts are published in the authors' original version with minimal technical corrections.

The authors are responsible for adhering to the requirements of academic integrity, as well as the content and accuracy of the presented materials.

Institute of climate-smart agriculture of NAAS

Khlibodarske, Maiatska doroha, 24

Odesa District, Odesa Region

Ukraine, 67667

e-mail: icsanaas@ukr.net, website: www.icsanaas.com.ua