

Інформація до проекту

Секція: Продовольча безпека, ресурсозберігаюче сільське та лісове господарство, дослідження морських, прибережних та внутрішніх вод, біоскономіки.

Назва проекту: Еколого-генетичне вивчення поліморфізму господарсько-цінних ознак геномів *Fabaceae* та *Triticum L.* з використанням молекулярних маркерів
(не більше 15-ти слів)

Тип роботи (фундаментальне дослідження, прикладне дослідження, науково-технічна експериментальна) розробка (зайве викреслити).

Організація-виконавець: Державний біотехнологічний університету
(повна назва)

АВТОРИ ПРОЕКТУ:

Керівник проекту (П.І.Б.) Чуприна Юлія Юріївна

(основним місцем роботи керівника проекту має бути організація, від якої подається проект)

Науковий ступінь: не має, вчене звання не має

Місце основної роботи Державний біотехнологічний університет

Проект розглянуто й погоджено рішенням наукової (вченої, науково-технічної) ради (Державного біотехнологічного університету) від «28» 10 2021р., протокол № 2.

Інші автори проекту: Бузина Ірина Миколаївна, кандидат с.-г. наук, доцент кафедри екології та біотехнологій в рослинництві; Коляда Ольга Василівна, кандидат с.-г. наук, доцент кафедри екології та біотехнологій в рослинництві, Меленті Вікторія Олександрівна, асистент кафедри фітопатології та ентомології.

Пропоновані терміни виконання проекту (до 36 місяців)
з 01.01.2022 року по 31.12.2024 рік

Орієнтовний обсяг фінансування проекту 2006,9 тис. грн.

1. АНОТАЦІЯ (до 5 рядків) (короткий зміст проекту)

Досягнення молекулярної генетики, геноміки внесли величезний внесок у розвиток біології, селекції та широко використовуються в сільському господарстві. Сучасними інструментами для вирішення теоретичних та практичних задач генетики, селекції, фітопатології, ентомології є молекулярні маркери. Добір за допомогою маркерів (*Marker Assisted Selection, MAS*) дозволяє на новому рівні здійснювати селекційний процес. Перевагою цього методу є знання генетичної залежності ознаки, локалізації відповідного гену чи генів в хромосомі, які відповідають за господарсько-цінні ознаки.

Не дивлячись на широке використання даних методів за кордоном, в Україні існує необхідність в детальному вивченні геномів *Fabaceae*, *Triticum L.* та їх стійкості до біотичних та абіотичних чинників. Зважаючи на різне еколого-географічне походження та генетичну різноманітність сучасні сортів по-різному реагують на фактори навколишнього середовища.

2. ПРОБЛЕМАТИКА ДОСЛІДЖЕННЯ ТА ЇЇ АКТУАЛЬНІСТЬ (до 10 рядків)

Геноми родин *Fabaceae*, *Triticum L.* представлені високопродуктивними, перспективними для вирощування в Україні культурами. У зв'язку з прогресуючим збідненням генофонду цих культур, збереження та збагачення їх генного пулу є актуальним. Оцінка генетичного різноманіття вихідного селекційного матеріалу, характеристика існуючого генофонду за

найбільш важливими господарськими ознаками, визначення ступеня родства зразків потребує розробки ефективних та надійних методів диференціації та ідентифікації.

Оцінка генетичного різноманіття одночасно з родоводом та основними агрономічно важливими ознаками забезпечать об'єктивну основу для селекції (опис генотипів, їх ресстрація, ідентифікація і т.п.) та рослинництва (визначення стійких сортів до шкідливих організмів залежно від умов регіону). Впровадження молекулярних маркерів дозволить розвивати методологію локалізації та контролю локусів, які визначають гени стійкості до несприятливих біотичних та абіотичних чинників.

3. МЕТА ТА ОСНОВНІ ЗАВДАННЯ (до 10 рядків)

Теоретичне та методичне обґрунтування комплексної системи визначення генетичної, селекційної та екологічної цінності вихідного колекційного матеріалу різного еколого-географічного походження за RAPD-PCR, ISSR-PCR, алельного складу високоваріабельних мікросателітних локусів (SSR-PCR) маркерами, обґрунтування їх застосування в селекційній практиці шляхом виділення зразків-донорів культур за продуктивністю, стійкістю до абіотичних і біотичних чинників, з високим вмістом білку.

Завдання: 1. підібрати інформативні молекулярно-генетичні маркери для еколого-генетичного вивчення внутрішньосортного, внутрішньовидового та міжвидового поліморфізму геномів (рід *Phaseolus L.*, рід *Vigna Savi*, рід *Triticum L.* (види: *Tr. durum*, *Tr. spelta*, *Tr. monococcum*, *Tr. boeoticum*, *Tr. sinskajae*, *Tr. ispahanicum*, *Tr. turgidum*, *Tr. aethiopicum*, *Tr. compactum*) та амфідиплоїдні зразки пшениці ярої.); 2. оцінити дискримінантний потенціал маркерів RAPD-PCR, ISSR-PCR та SSR-PCR та розробити тест-системи для комплексної оцінки генотипів, їх генетичної диференціації, ідентифікації та паспортизації геномів, а також оцінки генетичної однорідності та ідентифікації локусів геному, що відповідають за стійкість до основних шкідливих організмів і за господарсько-цінні ознаки; 3. сформувати бази даних ДНК-типуювання RAPD, ISSR та SSR локусів колекційних зразків, розробка та ресстрація генотипів у вигляді ідентифікаційних генетичних формул; 4. удосконалити методичні підходи визначення селекційної та господарської цінності вихідного матеріалу різних видів культур; 5. вивчити взаємовідносини в системі "патоген-господар-середовище" та виявити чинники, що сприяють поширенню шкодо чинних організмів; 6. провести статистичний аналіз отриманих результатів.

4. ОЧІКУВАНІ РЕЗУЛЬТАТИ ВИКОНАННЯ ПРОЕКТУ ТА ЇХ НАУКОВА НОВИЗНА (до 10 рядків)

Будуть удосконалені методи та проведено пошук ефективних генетичних маркерів, у тому числі молекулярно-генетичних (RAPD, SSR, ISSR). Буде проведено молекулярно-генетичну ідентифікацію колекційних зразків геному родин *Fabaceae*, *Triticum L.*, що необхідно для контролю генетичної однорідності генотипів, встановлення їх оригінальності, доведення авторських прав на сорти. Впровадження молекулярних маркерів дозволить розвинути методологію локалізації та контролю локусів, які визначають господарські ознаки та гени стійкості до несприятливих біотичних та абіотичних чинників.

Розробка моделей ДНК-прогнозу та маркерного добору, які рекомендуються для використання в селекційній практиці. Розробка методичних рекомендацій «Генетичне поліпшення популяцій зернобобових та олійних культур шляхом добору за ДНК-маркерами». На основі розроблених методичних підходів зі сформованих колекцій родин *Fabaceae*, *Triticum L.* буде виділено генетичні джерела цінних ознак, впроваджено їх в селекційну практику.

5. НАУКОВА НОВИЗНА ТА/АБО ПРАКТИЧНА ЦІННІСТЬ РЕЗУЛЬТАТІВ(до 10 рядків)

Результати досліджень поповнять та розширяють бази даних Банку генетичних ресурсів рослин України та будуть складовими національного наукового надбання України. Будуть сформовані ознакові колекції родів геномів *Phaseolus L.*, *Vigna Savi.*, *Tr. durum*, *Tr. spelta*,

Tr. monococcum, *Tr. boeiticum*, *Tr. sinskajae*, *Tr. ispahanicum*, *Tr. turgidum*, *Tr. aethiopicum*, *Tr. compactum* за вмістом білку, за стійкістю до основних шкідливих організмів та господарсько-цінними ознаками, виділені найбільш цінні генотипи, які можуть бути залучені в генетичні та селекційні програми Науково-дослідних установ.

Визначення селекційної цінності інтродукованих сортозразків та виділення генетичних джерел цінних господарських ознак може бути використано для селекції сучасних конкурентоспроможних сортів. Буде розроблено та удосконалено методи оцінки вихідного матеріалу, що прискорить тривалість та ефективність селекційної роботи з культурами.

Наукові напрацювання авторів будуть покладені в основу рекомендацій щодо проведення моніторингу генотипів при створенні нових сортів культур. Результати будуть впроваджені в навчальний процес підготовки студентів бакалаврського та магістерського рівнів Вищих навчальних закладів регіону сільськогосподарського та біологічного напрямку.

Керівник проекту: старший викладач
кафедри екології та
біотехнологій в рослинництві
Юлія ЧУПРИНА

Підпис _____

Юлія Чуприна
Згідно старшого викладача кафедри екології та біотехнологій в рослинництві

