



УДК 633.11:577.11

DOI <https://doi.org/10.32782/naturaljournal.10.2024.16>

**СЕЛЕКЦІЙНІ АСПЕКТИ ВИКОРИСТАННЯ ГЕНА GPC-B1 В ПОТРІЙНИХ
СХРЕЩУВАННЯХ ТА ЗАЛУЧЕННЯ ГЕНІВ ВІД *AEGILOPS TAUSCHII*
В СКЛАДНИХ СХРЕЩУВАННЯХ ІЗ МІСЦЕВИМИ СОРТАМИ**

**Я. С. Фанін¹, М. А. Литвиненко², О. О. Молодченкова³, І. А. Міщенко⁴,
І. І. Моцний⁵, А. А. Дуніч⁶, Л. Т. Міщенко⁷**

*У статті розглядаються питання селекції м'якої озимої пшениці з використанням генетичних матеріалів, що містять ген GPC-B1, а також генів від *Aegilops tauschii*. Однією з актуальних проблем сучасної селекції є створення сортів пшениці з високим вмістом білка, підвищеною врожайністю та покращеними хлібопекарськими властивостями. Використання генетичної різноманітності дозволяє ефективно підвищувати якість зерна і створювати більш стійкі до біотичних і абіотичних факторів навколишнього середовища сорти.*

*Польові дослідження проводилися на базі Селекційно-генетичного інституту. Об'єктом досліджень були лінії пшениці, створені шляхом потрійних схрещувань з використанням ліній-носіїв гена GPC-B1 та генів від *Aegilops tauschii*. Вміст білка в зерні визначали методом К'ельдаля*

¹ доктор філософії,
науковий співробітник лабораторії біохімії рослин
(Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення
Національної академії аграрних наук України, м. Одеса)
e-mail: yaroslavfanin96@gmail.com
ORCID: 0000-0003-3129-7583

² доктор сільськогосподарських наук, академік НААН, професор,
завідувач відділу селекції й насінництва пшениці
(Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення
Національної академії аграрних наук України, м. Одеса)
e-mail: dr_litvin@ukr.net.
ORCID: 0000-0002-8605-6587

³ доктор біологічних наук, старший науковий співробітник,
завідувачка лабораторії біохімії рослин
(Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення
Національної академії аграрних наук України, м. Одеса)
e-mail: olgamolod@ukr.net
ORCID: 0000-0003-2511-0866

⁴ кандидат економічних наук,
доцент кафедри адміністративного менеджменту та зовнішньоекономічної діяльності
(Національний університет біоресурсів і природокористування України, м. Київ)
e-mail: iamishchenko@ukr.net
ORCID: 0000-0003-0697-6971

та інфрачервоної спектроскопії. Фізико-хімічні показники зерна досліджували за допомогою методу седиментації.

Досліджено 3200 ліній, з яких 216 ліній мали підвищений вміст білка порівняно зі стандартними сортами. Найбільш перспективними виявилися лінії, що перевищували стандартні за вмістом білка на 10–15%, мали кращі фізико-хімічні показники, включаючи показники седиментації та хлібопекарські властивості. З використанням генів GPC-B1 і генів від *Aegilops tauschii* вдалося отримати стабільні генотипи, що поєднують підвищену врожайність з високою якістю зерна. Вперше проведено комплексне дослідження використання генів GPC-B1 та *Aegilops tauschii* у селекції м'якої пшениці. Результати можуть бути використані для створення нових сортів з підвищеним вмістом білка та покращеними хлібопекарськими властивостями, що має важливе значення для продовольчої безпеки та аграрного сектору.

Ключові слова: пшениця м'яка озима, генетична різноманітність, білок, селекція, врожайність.

BREEDING ASPECTS OF THE USE OF GPC-B1 GENE IN TRIPLE CROSSES WITH AND INVOLVEMENT OF GENES FROM *AEGILOPS TAUSCHII* IN COMPLEX CROSSES WITH LOCAL VARIETIES

**Ya. S. Fanin, M. A. Lytvynenko, O. O. Molodchenkova, I. A. Mishchenko,
I. I. Motsnyi, A. A. Dunich, L. T. Mishchenko**

*The article discusses the selection of soft winter wheat using genetic materials containing the GPC-B1 gene and genes from *Aegilops tauschii*. One of the current issues in modern breeding is the development of wheat varieties with high protein content, increased yield, and improved baking properties. Utilizing genetic diversity effectively enhances grain quality and creates more resilient varieties to biotic and abiotic environmental factors.*

*The field research was conducted at the Breeding and Genetic Institute. The study objects were wheat lines created through triple crosses using lines carrying the GPC-B1 gene and genes from *Aegilops tauschii*. The protein content in the grain was determined using the Kjeldahl method and infrared spectroscopy. The physicochemical properties of the grain were examined using the sedimentation method.*

*3200 lines were studied, of which 216 lines showed an increased protein content compared to standard varieties. The most promising lines exceeded the standard protein content by 10–15%, with better physicochemical properties, including sedimentation and baking properties. The use of GPC-B1 and *Aegilops tauschii* genes resulted in stable genotypes that combine high yield with superior grain quality. For the first time, a comprehensive study was conducted on the use of GPC-B1 and *Aegilops tauschii* genes in soft wheat breeding. The results can be used to develop new varieties with increased protein content and improved baking properties, which is essential for food security and the agricultural sector.*

Key words: soft winter wheat, genetic diversity, protein, breeding, yield.

⁵ кандидат біологічних наук, старший науковий співробітник, провідний науковий співробітник відділу загальної та молекулярної генетики (Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення Національної академії аграрних наук України, м. Одеса)

e-mail: motsnyii@gmail.com

ORCID: 0000-0002-1812-9481

⁶ кандидат біологічних наук, асистент кафедри вірусології

(ННЦ «Інститут біології та медицини»,

Київський національний університет імені Тараса Шевченка, м. Київ)

e-mail: alinadunich@knu.ua

⁷ доктор біологічних наук, професор

(Київський національний університет імені Тараса Шевченка, м. Київ)

e-mail: lmishchenko@ukr.net

ORCID: 0000-0003-0697-6971

Вступ

Для досягнення якісного стрибка в селекції на високу продуктивність і якість зерна пшениці необхідно створювати нові сорти рослин, які б об'єднували в одному генотипі такі ознаки, як висока продуктивність, якість зерна різних напрямів використання з комплексною стійкістю до хвороб і шкідників, а також наявністю важливих мінералів і вітамінів. Результативність селекції на якість багато в чому залежить від наявності генетичного матеріалу, який сконцентрований у світових колекціях генофонду (Шелепов та ін., 2013). Найбільш інтенсивні дослідження якості зерна припадають на 60–80 роки ХХ ст., які спрямовувались переважно на пошук високобілкових генотипів у диких видах, таких як *Triticum L.* і *Aegilops L.* (Скалецька та ін., 2006).

Найбільш результативна робота велась в цей час у США та Канаді, де при дослідженнях, результатом експериментів вдалось збільшити кількість білка в зерні на 0,5–3,0% (Забарна, 2013). Було доведено, що рівень білка в зерні має полігенний характер (Малахова, 2013). На сьогодні у всіх хромосомах пшениці знайдені головні та мінорні локуси, які впливають на цей показник (Бурлака і Сорочинський, 2010).

Відомо, що старіння – це запрограмована деградація компонентів клітини, що робить доступними поживні речовини для ремобілізації в насіння. Можливо, ген *GPC-B1* бере участь у контролі цього процесу і володіє широким плейотропним ефектом (Distelfeld et al., 2004). У зерні рекомбінантних інбредних ліній, що несуть алелі від *D1C*, порівняно з лініями, що містять алелі від *LDN*, була виявлена вища концентрація не тільки білка (у середньому на 38%), а й цинку (12%), заліза (18%) та марганцю (29%). З використанням сучасних технологій секвенування (*Roche 454 pyrosequencing* та *Illumina systems*) Д. Канту з колегами на 12-й день після цвітіння провели транскрипційний аналіз прапорцевого листка у трансгенних ліній сорту *Bobwhite* у порівнянні з не трансгенним контролем, і показали, що процес старіння рослин пшениці пов'язаний із змінами в експресії кількох сотень генів. Серед них були гени-транспортери, гени, які беруть участь у фотосинтезі, що регулює метаболічні процеси та відповідні реакції на стресори та ін. Різницю за рівнем їхньої експресії виявляли задовго до появи візуальних симптомів старіння. Таким чином, проведені у світі дослідження

показали, що дія генів *GPC*, які впливають на вміст білка в зерні, проявляється після цвітіння, на ранньому етапі старіння рослини, і пов'язане з ремобілізацією поживних речовин з вегетативних органів рослини у зерно в процесі його наливу (Cantu et al., 2011).

У Канаді за допомогою створення дигаметоидів і використання маркер-контрольованого відбору отримано три комерційні сорти ярої м'якої пшениці. Два з них, сорти *Lillian* та *Somerset* (Fox et al., 2005), відносяться до екстрасильних класу канадських західних ярих червонозерних сортів, а *Burnside* – до канадських західних надсильних сортів. Створені сорти перевищували, або не відрізнялися за врожайністю від сортів, у яких не був маркер гена *GPC-B1*, але всі вони мали вищий вміст білка в зерні (від 13,4 до 16,1%) і дозрівали на два-три дні раніше. Сорт *Lillian* також містив блок зчеплених генів *Lr34/Yr18* (хромосома 7D) стійкості до бурої та жовтої іржі, мав наповнене стебло і був стійким до пшеничного стеблового пильщика *Cephus cinctus* Nort., поширеного у Північній Америці.

Останнім часом для створення нового селекційного матеріалу пшениці використовується генетичне різноманіття дикого виду *Aegilops L.* (*DD*, $2n = 2x = 14$), який є донором ключового геному *D* культурної гексаплоїдної пшениці *T. aestivum L.* і визначає основні агрономічні ознаки пшениці, такі як врожайність, якість, стійкість до фітопатогенів та екстремальних факторів навколишнього середовища, включаючи посуху. Генетична мінливість *Aegilops L.* незрівнянно (у кілька тисяч разів) перевищує генетичну різноманітність сортів пшениці. На основі багатьох досліджень, А. таусчії найкраще підходить для покращення якості зерна в роді *Aegilops L.* Найефективнішим способом введення генетичної плазми А. таусчії в культуру є використання штучно створених гексаплоїдних синтетиків з геномною формулою *AABBDD* ($2n = 6x = 42$) у схрещуванні з культурною пшеницею, де геноми А і В – від твердої пшениці або диких дводольних рослин, а ген D – від ехілопса А. таусчії. Доведено, що гексаплоїдна синтетика є потужним джерелом покращення культурної пшениці за низкою агрономічних ознак, таких як зернова продуктивність, стійкість до біотичних та абіотичних факторів, і майже єдиним джерелом покращення культурної пшениці за такою стратегічно важливою ознакою, як стійкість до посухи

(Cox et al., 2017). Крім того, основний донор геному D, пшениця *A. cylindrica* (CCDD, $2n = 4x = 28$), також використовується в схрещуваннях з культурною пшеницею.

Так, від гібридів *A. geniculata*, *A. crassa*, *A. triuncialis* з сортами м'якої пшениці отримані лінії, які містять більше білка в зерні, у порівнянні з пшеницею – на 3–4%, а у гібридів *A. geniculata* x Безоста 1 – на 7%. Вміст гліадинів у зерні цих гібридів зменшився, тоді як вміст глютенінів збільшився, що свідчить про поліпшення хлібопекарських властивостей. Більшість гібридів характеризуються кращими фізико-хімічними й технологічними якостями в порівнянні з пшеницею. Лінії, отримані від *A. geniculata*, мали кращі показники седиментації, якості клейковини і маси 1000 зерен (Діденко та ін., 2017). Були створені гібриди дісомно-доповнені та замішені від *A. speltooides* та лінії м'якої пшениці з високим вмістом білка 18–19%, високим вмістом клейковини та рівнем седиментації (Моцний та ін., 2021).

У Селекційно-генетичному інституті – Національному центрі насіннезнавства та сортовивчення (СП-НЦНС) також займаються створенням та дослідженням інтрогресивних ліній на базі *A. tauschii*. Великий об'єм роботи в цьому напрямку проведено співробітником відділу загальної та молекулярної генетики к.б.н. Іваном Івановичем Моцним. Серед генетичного матеріалу, одержаного у його дослідженнях, є інтрогресивні лінії з високою стійкістю до хвороб, підвищеною врожайністю та масою 1000 зерен, але головним чином – це підвищений вміст білка в зерні та поліпшені його хлібопекарські властивості (Моцний та ін., 2022).

Метою досліджень представлених у статті, було встановити ефективність добору за вмістом білка в зерні у рекомбінантних лініях, створених від схрещувань з донорськими лініями – носіями гена *GPC-B1* та генів від *A. tauschii* та показати можливість комбінування в одному генотипі ознак з високими показниками вмісту білка в зерні, врожайності та хлібопекарських властивостей.

Матеріал та методи

Польові дослідження проводилися по чорному пару на дослідній ділянці відділу селекції та насінництва пшениці Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннезнавства і сортовивчення.

Селекційні лінії та сорти, що було використано у схрещуваннях; 1) сорти м'якої

озимої пшениці, що використовуються як батьківські компоненти у схрещуваннях – Куяльник, Нива, Оранта, Кантата, Оптима, Наснага, Ветеран, Мелодія, Мудрість, створені в СП-НЦНС, м. Одеса; 2) нові інтрогресивні лінії, створені методом віддаленої гібридизації у відділі загальної та молекулярної генетики та у відділі генетичних основ селекції СП-НЦНС: Матеріалом для вивчення гена *GPC-B1* слугували лінії F6 – F7, отримані від схрещування сорту *T. aestivum* Куяльник з лінією-донором гена *GPC-B1* *T. turgidum* ssp. *dicoccoides*, надані для дослідження д.б.н. О. І. Рибалкою; матеріалом для вивчення впливу білковозбагачених генів *A. tauschii* слугували лінії отримані від насичених схрещувань адаптованих сортів пшениці Одеська 267, Куяльник, Зміна, Ватажок, Віжен, Альбатрос ff, Селенка. З мексиканськими елітними синтетиками (амфіплоїдами *T. durum* Desf./*Aegilops tauschii* Coss.) подальші ступінчасті схрещування отриманих гібридів з сучасними сортами та 4–6 самозапиленнями, проведені к.с.-г.н. І.І. Моцним.

Дослідження рекомбінантних ліній від схрещувань місцевих сортів з лініями – донорами. Закладався дослід за схемою традиційного селекційного процесу. Насіння рослин виділені при індивідуальному доборі, із гібридних популяцій F 2 за морфологічними характеристиками. Ці лінії слугували вихідним матеріалом для закладки ліній F 3, які були початковим об'єктом даних досліджень в селекційному розсаднику при ширині міжряддя 45 см, довжині рядка 2,5 м без повторень. Через кожні 20 ліній були розміщені сорт – стандарт Куяльник та батьківські компоненти. Наступний етап досліджень – попереднє сортовипробування (ширина міжряддя 30 см, довжина ділянки 6,8 м). Далі – сортовипробування (ширина міжряддя 15 см, довжина ділянки 6,8 м) з додаванням двох варіантів доз добрив N 60 й N 120. Був закладений дослід конкурсного сортовипробування з двома варіантами внесення добрив як і попереднього року. Спосіб посіву також був у двох варіантах: суцільний (ширина міжряддя 15 см), розріджений з міжряддям 30 см). Попереднє сортовипробування, сортовипробування та конкурсне сортовипробування проводилися в 3-кратній повторності.

Загальний вміст білка/азоту визначали методом К'ельдаля на автоматичному аналізаторі Kjeltex Auto 1030 ("FOSS") (ДСТУ 3768–2010. 2010). Загальний вміст білка

та фізичні властивості твердості вимірювали за допомогою методу інфрачервоної спектроскопії (NIR) (Наконечний і Жиляков, 2017). Рівень седиментації визначався методом із попереднім автолізом, зокрема, методом SDS-30 (Рибалка та ін., 2006).

Для виявлення вірусів було здійснено візуальне обстеження посівів. Відібрані проби були проаналізовані в біологічних тестах за допомогою рослин-індикаторів. Для візуалізації віріонів використовували трансмісійну електронну мікроскопію. Серологічні дослідження проводили за допомогою імуноферментного аналізу з власними та комерційними тест-системами згідно з рекомендаціями виробника. Результати реєстрували на автоматичному ІФА-аналізаторі Thermo Labsystems Opsis MR (США) із програмним забезпеченням Dynex Revelation Quicklink при довжинах хвиль 405/630 нм. Для виділення тотальної РНК зі зразків були використані кити Thermo Fisher, Qiagen (Великобританія). Для детекції вірусів методом ЗТ-ПАР застосовували кит для two-step-RT-PCR (Thermo Fisher).

Дані опрацьовували за допомогою дисперсійного аналізу за допомогою програмного забезпечення Statistica (StatSoft Inc.). Для порівняння середніх значень (\bar{X}) використовували найменшу істотну різницю ($HP_{0,05}$) і рівень статистичної значущості (p). Визначені нами або взяті з літератури показники наводяться в таблицях і тексті з уніфікованими позначеннями їхньої вірогідності: *, ** і *** – вірогідні при $p < 0,05, 0,01$ і $0,001$ рівні значущості, відповідно.

Результати та їх обговорення

Робота проводилась на залученні в місцевий генофонд генів від *A. tauschii* через складні схрещування та залучення гена *GPC-B1* потрібним схрещуванням з метою досягнути кумулятивного ефекту. Таким чином проводився добір з селекційного розсадника із 13 гібридних комбінацій, до яких входили рекомбінантні лінії F3, створені від потрібних схрещувань з лініями з геном *GPC-B1* (6 гібридних комбінацій) і лініями-донорами генів високої білковості від *A. tauschii* (7 гібридних комбінацій). Добір рекомбінантних ліній проводився як за морфологічними ознаками, за вмістом білка та і за проявом до вірусних захворювань. З 3200 ліній було відібрано за однорідністю морфологічних ознак 672 лінії, що складає 21% від загальної кількості закладених у селекційному розсаднику. Цей відбір було проаналізовано за вмістом білка. За результатами

аналізу було виявлено 216 ліній, 32,1% від загальної кількості ліній, що перевищували за вмістом білка сорт-стандарт Куяльник. З них 108 ліній, 16% від загальної кількості відібраних ліній, перевищували батьківські компоненти за цією ознакою. Серед ліній з більшим вмістом білка, ніж у батьківських компонентів, 49 шт. були створені на базі потрібних схрещувань з лініями-носіями *GPC-B1* і 59 шт. на базі схрещувань з лініями-носіями генів від *A. tauschii* (табл. 1).

Для продовження досліджень наступного року був закладений дослід із ліній F4 (ПСВ), які були представлені в кількості 216 ліній із 13 гібридних комбінацій (табл. 2). Дослідні лінії, як і в попередньому досліді в F4 (ПСВ), відбирались за вмістом білка, врожайністю, рівнем седиментації та стійкістю до вірусних хвороб. Але головним фактором добору залишався вміст білка в зерні. В результаті проведених досліджень було виділено 104 лінії, що складає 48,1% від загальної закладених ліній в досліді, з яких 67 ліній, що відповідає 31%, мали вміст білка в зерні на рівні сорту-стандарту та 37 ліній, що складає 17,1%, мали вміст білка більший, ніж батьківські компоненти. Порівнюючи лінії з підвищеним вмістом білка і лінії, які мали білковість зерна на рівні із стандартом, встановили, що різниця між ними складала 1,1%, що відповідає 9%.

Лінії з вмістом білка на рівні сорту-стандарту мали врожайність на 0,28 т/га вищу, що відповідає 6,4% (табл. 3). Більш суттєва різниця була за рівнем седиментації – на 13,9 мл, що відповідає 25,4%. Також рівень седиментації, як і в попередньому досліді, мав більш значну диференціацію між гібридними комбінаціями. Так, середній рівень седиментації з-поміж ліній, створених за потрібними схрещуваннями, склав 60 і 72,5 мл для ліній з вмістом білка на рівні стандарту і високобілкових ліній відповідно (табл. 4). Показники рівня седиментації у рекомбінантних лініях, створених від *A. tauschii*, мали результати на рівні 51,5–65,4 мл (для ліній з вмістом білка на рівні сорту-стандарту і високобілкових ліній відповідно).

Ця тенденція спостерігалася і за врожайністю ліній, створених на базі потрібних схрещувань: лінії з геном *GPC-B1* мали в середньому рівень врожайності 5,52 т/га для стандартних і 5,10 т/га для високобілкових ліній. У ліній з генами високої білковості від *A. tauschii* цей показник складав 5,13 і 4,72 т/га відповідно для стандарт-

Таблиця 1

Результати добору рекомбінантних ліній F3 від потрійних схрещувань лінії з геном *GPC-B1* і лініями донорами генів високої білковості від *A. tauschii*

Гібридна комбінація	*	Відібрані лінії				Межі мінливості вмісту білка в зерні %		
		Стандартні		Високобілкові		max	min	\bar{X}
		*	%	*	%			
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мелодія	60	19	31,6	8	13,3	14,3	11,4	12,9
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Наснага	62	22	35,4	11	17,7	14,2	10,9	12,6
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Ветеран	34	10	29,4	5	14,7	14,6	10,8	12,7
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мудрість	52	17	32,6	8	15,3	13,1	10,8	12,0
(12/61 <i>GPC-B1</i> x Оптима) Мелодія	41	14	34,1	7	17,0	13,7	10,7	12,2
(12/61 <i>GPC-B1</i> Оптима) x Мудрість	60	19	31,6	10	16,6	14,9	11,8	13,4
\bar{X}, Σ	309	101	32,5	49	15,8	14,1	11,1	12,6
(336ф x 16В241) x 09/Е212	42	16	38,0	8	19,0	13,5	11,7	12,6
(Зміна x Е175_09) x F4Мудрість	47	15	31,9	8	17,0	15,9	12,1	14,0
Куяльник x (1161/16 x 1102/16)	54	16	29,6	9	16,6	17,1	13,2	15,2
Е234/09 x Мудрість F2	61	19	31,1	8	13,1	13,6	10,6	12,1
Е234/09 x Ера F2	61	19	31,1	8	13,1	13,6	10,6	12,1
(2418/14 x Селянка) x (ЕS25 x Ватажок)	55	14	25,4	8	14,5	14,9	10,4	12,7
(2419/14 x Селянка) x (ЕS25 x Подяка)	42	15	35,7	7	16,6	13,2	10,6	11,9
\bar{X}, Σ	362	114	31,8	56	15,7	14,3	11,3	12,8

«*» – Кількість ліній, шт.

Таблиця 2

Вміст білка в зерні рекомбінантних ліній (F4 ПСВ) від потрійних схрещувань лінії з геном *GPC-B1* і лініями донорами генів високої білковості від *A. tauschii*

Гібридна комбінація	Кількість відібраних ліній, шт.		Білковість зерна, %		Різниця	CV, %
	Стандартних	Високобілкових	Стандартних	Високобілкових		
1	2	3	4	5	6	7
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мелодія	6	3	11,3	12,4	+0,9	6,3
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Наснага	6	3	11,2	12,9	+1,7	4,5
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Ветеран	6	3	11,6	12,8	+1,2	5,6
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мудрість	5	3	12,4	13,3	+0,9	6,6
(12/61 <i>GPC-B1</i> x Оптима) Мелодія	3	3	12,2	13,1	+0,9	6,3
(12/61 <i>GPC-B1</i> Оптима) x Мудрість	5	2	12,1	13,4	+1,3	7,6
\bar{X}	Σ 31	Σ 17	11,80	12,98	+1,15	6,15

Продовження таблиці 2

1	2	3	4	5	6	7
(336ф x 16В241) x 09/ E212	3	3	12,5	13,7	+1,2	6,1
(Зміна x E175_09) x F4// Мудрість	3	3	12,9	14,1	+1,2	6,4
Куяльник x (1161/16 x 1102/16)	4	3	12,1	13,2	+1,2	4,6
E234/09 x Мудрість F2	8	3	11,8	13,3	+1,5	8,2
E234/09 x Ера F2	8	3	12,6	13,6	+1	5,4
(2418/14 x Селянка) x (ES25 x Ватажок)	4	3	12,9	13,4	+0,5	12,1
(2419/14 x Селянка) x (ES25 x Подяка)	5	3	13,2	14,0	+0,8	6,5
\bar{X}	Σ 33	Σ 21	12,6	13,6	1,0	7,0

Таблиця 3

Врожайність рекомбінантних ліній (F4 ПСВ) від потрібних схрещувань ліній з геном
GPC-B1 і лініями донорами генів високої білковості від *A. tauschii*

Гібридна комбінація	Кількість відібраних ліній, шт.		Врожайність ліній, т/га, сер. зн.		Різниця	CV,%
	Стан- дартних	Високо- білкових	Стан- дартних	Високо- білкових		
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мелодія	6	3	4,72	4,40	-0,32	5,3
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Наснага	6	3	5,15	5,10	-0,05	5,6
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Ветеран	6	3	5,39	4,95	-0,44	4,4
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мудрість	5	3	4,65	4,37	-0,28	5,2
(12/61 <i>GPC-B1</i> x Оптима) Мелодія	3	3	4,73	4,50	-0,23	5,4
(12/61 <i>GPC-B1</i> Оптима) x Мудрість	5	2	4,87	4,78	-0,09	6,5
\bar{X}	Σ 31	Σ 17	4,92	4,68	-0,24	5,4
(336ф x 16В241) x 09/E212	3	3	4,70	4,65	-0,15	7,6
(Зміна x E175_09) x F4//Мудрість	3	3	4,49	4,34	-0,15	7,3
Куяльник x (1161/16 x 1102/16)	4	3	4,35	4,29	-0,06	3,6
E234/09 x Мудрість F2	8	3	4,53	4,30	-0,23	11,2
E234/09 x Ера F2	8	3	4,39	4,04	-0,35	13,4
(2418/14 x Селянка) x (ES25 x Ватажок)	4	3	4,48	4,01	-0,47	22,1
(2419/14 x Селянка) x (ES25 x Подяка)	5	3	4,27	3,97	-0,30	13,5
\bar{X}	Σ 33	Σ 21	4,57	4,26	-0,2	11,2

Таблиця 4

Рівень седиментації в зерні рекомбінантних ліній (F4 ПСВ) від потрійних схрещувань ліній з геном *GPC-B1* і лініями донорами генів високої білковості від *A. Tauschii*

Гібридна комбінація	Кількість відібраних ліній, шт.		Рівень седиментації, мл.		Різниця	CV,%
	Стандартних	Високобілкових	Стандартних	Високобілкових		
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мелодія	6	3	56	72	+16	8,3
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Наснага	6	3	59	74	+15	7,6
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Ветеран	6	3	57	68	+11	6,4
(13/11 <i>GPC-B1</i> x Оптима) x Мудрість	5	3	61	75	+14	7,2
(12/61 <i>GPC-B1</i> x Оптима) Мелодія	3	3	62	75	+13	6,5
(12/61 <i>GPC-B1</i> Оптима) x Мудрість	5	2	64	71	+8	4,5
\bar{X}	Σ 31	Σ 17	59,8	72,5	+12,8	6,7
(336ф x 16В241) x 09/Е212	3	3	54	67	+13	7,6
(Зміна x Е175/09) x F4Мудрість	3	3	57	69	+12	6,3
Куяльник x (1161/16 x 1102/16)	4	3	60	73	+13	7,5
Е234/09 x Мудрість F2	8	3	46	62	+12	6,2
Е234/09 x Ера F2	8	3	44	58	+14	7,4
(2418/14 x Селянка) x (ЕS25 x Ватажок)	4	3	48	64	+16	8,1
(2419/14 x Селянка) x (ЕS25 x Подяка)	5	3	52	65	+13	7,5
\bar{X}	Σ 33	Σ 21	51,6	65,4	13,3	7,2

них і високобілкових ліній. Протилежна закономірність спостерігалась за вмістом білка: лінії з геном *GPC-B1*, створені на базі потрійних схрещувань, дещо поступалися за середнім значенням вмісту білка як для стандартних ліній – 11,8 і 12,1%, так і для високобілкових ліній – 12,9 і 13,4% відповідно. За проявом вірусних захворювань два напрямки селекції не мали суттєвої різниці. Отже, порівнюючи два напрями підвищення вмісту білка, можна зробити висновок, що лінії з геном *GPC-B1* перевищують лінії з генами високобілковості від *A. tauschii* за показником седиментації на 16,5%, за врожайністю на 8,2%, але поступаються за вмістом білка в зерні на 9,7%. Серед гібридних комбінацій з генами високобілковості від *A. tauschii* за вмістом білка можна відділити такі лінії, як (Зміна/Е175_09 x F4//Мудрість) і ((2419/14 x Селянка) x (ЕS25 x Подяка)) з середнім вмі-

том білка в зерні у ліній в комбінаціях 14,1% і 14,0% відповідно. Серед гібридних популяцій, створених на базі ліній-донорів *GPC-B1*, можна виділити (12/61 *GPC-B1* Оптима) x Мудрість і (13/11 *GPC B1* x Оптима) x Мудрість з середнім вмістом білка в зерні у ліній в комбінаціях 13,4%.

З отриманих результатів добору рекомбінантних ліній з донорами гена *GPC-B1* та генів від *A. tauschii* (табл. 5) можна зробити висновок, що при доборі ліній з підвищеним вмістом білка необхідна перевірка у наступних поколіннях для виявлення стабільних за цією ознакою генотипів. В цьому переконує відсоток кількості ліній з високим вмістом білка в зерні на другий рік досліджень. Для рекомбінантних ліній, створених на базі схрещувань з лініями-носіями гена *GPC-B1*, відсоток ліній, які підтвердили свою високобілковість в середньому по гібридних комбінаціях, був на рівні 16,8%, тобто при-

близно тільки кожна шоста лінія. Для рекомбінантних ліній, створених від схрещувань з лініями носіями генів від *A. tauschii*, відсоток ліній хоча і був вищий – 18,8%, але це не мало принципового значення. Тому, для повного виявлення кількості та якості трансгресії, рекомбінантні лінії були досліджені і наступного року.

За отриманими результатами в групі гібридних комбінацій, створених від парних схрещувань, було виділено 27 лінії F5, які стабільно по роках мали підвищений вміст білка в порівнянні з сортом-стандартом та кращим батьківським компонентом (див. табл. 1). Це відповідає 5,0% від загальної кількості ліній (534 шт). Дослідження рекомбінантних ліній F5, створених від

потрійних і складних схрещувань, які проводилися у 2022/23 вегетаційному році, дають можливість порівняти ефективність добору між дослідженими групами ліній (рис. 1).

За отриманими даними, серед гібридних комбінацій, створених від складних схрещувань з носіями генів *A. tauschii*, кількість високобілкових ліній від початкових показників у селекційному розсаднику (363 шт.) у конкурсному сортовипробуванні складала 12 шт., або 3,2% відповідно. По гібридних комбінаціях кількість високобілкових ліній не перевищувала 2-х шт. на комбінацію, відсоток таких ліній від початкової кількості був у межах 2,3–4,2%. Використання ліній-донорів гена *GPC-B1* в гібридизації

Таблиця 5

Ефективність добору у рекомбінантних ліній пшениці м'якої озимої, створених від схрещування місцевих сортів з донорами гена *GPC-B1* та генів від *A. tauschii* на різних етапах селекційного процесу, 2021–2022 рр.

Гібридна комбінація	СР F3					ПСВ F 4				
	****	*		**		*		**		***
		Шт.	%	Шт.	%	Шт.	%	Шт.	%	%
(13/11 <i>GPC-B1</i> х Оптима) х Мелодія	60	19	8	13,3	13,3	6	10,0	3	5,0	15,8
(13/11 <i>GPC-B1</i> х Оптима) х Наснага	62	22	11	17,7	17,7	6	9,7	3	4,8	13,6
(13/11 <i>GPC-B1</i> х Оптима) х Ветеран	34	10	5	14,7	14,7	6	17,6	3	8,8	30,0
(13/11 <i>GPC-B1</i> х Оптима) х Мудрість	52	17	8	15,3	15,3	5	9,6	3	5,8	17,6
(12/61 <i>GPC-B1</i> х Оптима) Мелодія	41	14	7	17,0	17	3	7,3	3	7,3	21,4
(12/61 <i>GPC-B1</i> Оптима) х Мудрість	60	19	10	16,7	16,6	5	8,3	2	3,3	10,5
\bar{X}	Σ 309	Σ 101	8,2	15,8	15,8	Σ 29	9,4	Σ 17	5,5	16,8
E234/09 х Мудрість F2	62	20	11	17,7	19	8	12,9	3	4,8	15,0
E234/09 х Ера F2	61	19	8	13,1	17	8	13,1	3	4,9	15,8
(2418/14 х Селянка) х (ES25 х Вагажок)	55	14	8	14,5	16,6	4	7,3	3	5,5	21,4
(2419/14 х Селянка) х (ES25 х Подяка)	42	15	7	16,6	13,1	4	9,5	3	7,1	20,0
(336ф х 16В241) х 09/Е212	42	16	8	19,0	13,1	3	7,1	3	7,1	18,8
(Зміна х E175_09) х F4Мудрість	47	15	8	17,0	14,5	3	6,4	3	6,4	20,0
Куяльник х (1161/16 х 1102/16)	54	16	9	16,6	16,6	4	7,4	3	5,6	18,8
\bar{X}	Σ 362	Σ 114	8,4	16,4	15,7	Σ 34	9,4	Σ 21	5,8	18,4

Примітка: «*» – Лінії з вмістом білка на рівні стандарту; «**» – Високобілкові лінії; «***» – Підтверджені високобілкові лінії; «****» – Кількість відібраних, шт.

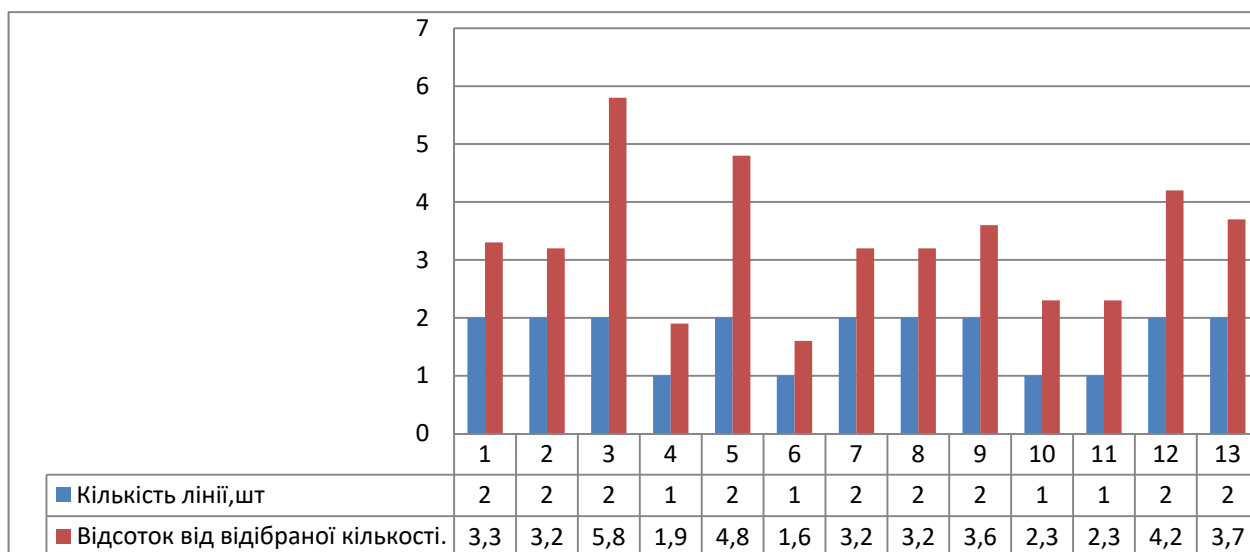


Рис. 1. Порівняння ефективності добору між дослідженими групами гібридних комбінацій

Примітка: 1 – 13/11 GPC-B1 x Оптима) x Мелодія; 2 – (13/11 GPC-B1 x Оптима) x Наснага; 3 – (13/11 GPC-B1 x Оптима) x Ветеран; 4 – (13/11 GPC-B1 x Оптима) x Мудрість; 5 – (12/61 GPC-B1 x Оптима) Мелодія; 6 – (12/61 GPC-B1 Оптима) x Мудрість; 7 – E234/09 x Мудрість F2; 8 – E234/09 x Ера F2; 9 – (2418/14 x Селянка) x (ES25 x Ватажок); 10 – (2419/14 x Селянка) x (ES25 x Подяка); 11 – 336ф/16В241 x 09/Е212; 12 – Зміна/Е175_09 x F4// Мудрість; 13 – Куяльник x (1161/16 x 1102/16).

з сортами екстрасильними за якістю зерна пшениці забезпечує стабільне проявлення високобілковості зерна у лініях в кількості 10 шт., або 3,4% відповідно. Як і в гібридних комбінаціях від складних схрещувань, кількість високобілкових ліній не перевищувала 2-х шт. на гібридну комбінацію. Відсоток таких ліній від початкової кількості був у межах 1,6–4,8% залежно від гібридної комбінації. Для прискорення ідентифікації таких ліній можливе використання різних екологічних груп чи різних агрофонів.

Отже, внаслідок аналізу і добору рекомбінантних ліній, починаючи з покоління F3, у F5 були отримані лінії у кількості 27 шт. (5,0%) від парних ліній схрещувань, 10 шт. (3,4%) від потрійних схрещувань, 12 шт. (3,2%) від складних схрещувань. Ці лінії по роках стабільно перевищували за вмістом білка сорт-стандарт Куяльник та кращого з батьківських компонентів. Такі лінії проходять подальше вивчення в конкурсних екологічних сортовипробуваннях та на різних агрофонах, як можливі кандидати для передання нового сорту до Державного сортовипробування.

Висновки

Для створення не тільки високобілкового вихідного матеріалу, а також і сортів, необхідно дотримуватися наступного алгоритму дій: 1. Визначення білка з використанням інфрачервоного аналізатора на первинних ланках селекції (F3) з подальшою перевіркою методом К'ельдаля. 2. Визначення рівня седиментації методом SDS-30 на первинних ланках селекції (F3-5) з подальшою перевіркою реологічних властивостей тіста на альвіографі (F4-5). 3. Ступень проявлення інфекції за морфологічними ознаками на первинних ланка та імуноферментний аналіз на пізніх ланках.

Внаслідок аналізу і добору рекомбінантних ліній, починаючи з покоління F3, в F5 були отримані високобілкові лінії в кількості 10 шт. (3,4%) від потрійних схрещувань, 12 шт. (3,2%) від складних схрещувань.

Подяки

Робота виконана за підтримки і фінансування проєкту НФДУ № 2023.03/0244 «Механізми стійкості економічно важливих культур до вірусних хвороб за умов воєнного стану і глобального потепління» курсу «Передова наука в Україні».

Список використаної літератури

- Бурлака О.М., Сорочинський Б.В. Біофортифікація сільськогосподарських рослин. *Біотехнологія*. 2010. № 5. С. 31–42.
- Діденко С.Ю., Реліна Л.І., Усова З.В., Вечерська Л.А., Богуславський Р.Л., Моцний І.І. Створення ліній пшениці озимої м'якої з залученням генетичної плазми *Thinopyrum intermedium*. *Генетичні ресурси рослин*. 2017. № 20. С. 21–31.
- ДСТУ 3768–2010. Пшениця. Технічні умови. Держспоживстандарт України. 2010. С. 14.
- Забарна Ю.В. Понятійно-категорійна сутність глобальної продовольчої безпеки. *Науковий вісник Національного університету біоресурсів і природокористування України. Сер.: Економіка, аграрний менеджмент, бізнес*. 2013.
- Малахова Л.В. Шляхи подолання прихованого голоду як складової глобальної продовольчої проблеми. *Вісник Харківського національного університету імені ВН Каразіна. Серія: Міжнародні відносини. Економіка. Країнознавство. Туризм*. 2013. № 1086. Вип. 2. С. 86–89.
- Моцний І.І., Нарган Т.П., Наконечний М.Ю., Лифенко С.П., Молодченкова О.О., Міщенко Л.Т. Різноманіття похідних віддаленої гібридизації озимої пшениці за стійкістю до хвороб та іншими чужинними ознаками. *Вісник Одеського національного університету. Біологія*. 2021. № 26 (2). С. 51–72. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2\(49\).246884](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2(49).246884).
- Моцний І.І., Молодченкова О.О., Нарган Т.П., Наконечний М.Ю., Лифенко С.П., Фанін Я.С., Міщенко Л.Т. Оцінка похідних віддаленої гібридизації пшениці за агрономічними ознаками в посушливих умовах півдня України. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2022. № 31. С. 71–76. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v31.1487>.
- Наконечний О.А., Жияков Д.В. Удосконалення методів контролю оптичних характеристик цільного зерна пшениці із застосуванням ближнього інфрачервоного спектру. *Технічна творчість. Зб. наук. праць Хмельницький. ХНУ*. 2017. № 6. С. 53–56.
- Рибалка О.І., Червоніс М.В., Парфентьев М.Г., Аксельруд Д.В. Пат. № 17023 Україна, (2006) А01Н 1/04. Спосіб непрямой оцінки «сили» борошна – седиментація SDS-30. Селекційно-генетичний інститут. № u200610062; заявл. 06.02.2006; опубл. 15.09.2006; Бюл. № 9.
- Основи наукових досліджень зі зберігання та переробки продукції рослинництва: навч. посіб. Скалецька Л.Ф., Подпратов Г.І., Завадська О.В. Київ : НАУ, 2006. 204 с.
- Пшениця: біологія, селекція, морфологія, насінництво. Шелепов В.В., Гаврилюк Н.Н., Вергунов В.А. К. : Логос, 2013. 498 с.
- Cantu D., Pearce S.P., Distelfeld A., Christiansen M.W., Uauy C., Akhunov E., Fahima T., Dubcovsky J. Effect of the down-regulation of the high Grain Protein Content (GPC) genes on the wheat transcriptome during monocarpic senescence. *BMC Genomics*. 2011. № 12. P. 492–509. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-492>.
- Cox T., Wu J., Wang Sh., Cai J., Zhang Q., Fu B. Comparing two approaches for introgression of germplasm from *Aegilops tauschii* into common wheat. *The Crop Journal*. 2017. Vol 5. P. 355–362. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.05.006>.
- Distelfeld A., Uauy C., Olmos S., Schlatter A.R., Dubcovsky J., Fahima T. Microcolinearity between a 2-cM region encompassing the grain protein content locus *Gpc-6B1* on wheat chromosome 6B and a 350-kb region on rice chromosome 2. *Funct. Integr. Genomics*. 2004. Vol. 4. P. 59–66. <https://doi.org/10.1007/S10142-003-0097-3>.
- Fox S.L., Townley-Smith T.F., Humphreys D.G., Mc. Callum B.D., Fetch T.G., Gaudet D.A., Gilbert J.A., Menzies J.G., Noll J.S., Howes N.K. Somerset hard red spring wheat. 2005. [Електронний ресурс] URL: <http://www.pgdc.ca/pdfs/wrt/cultivardescriptions/Somerset.pdf>. (дата звернення 10.10.2024).
- Gorafi Y., Kim J.-S., Elbashir A., Tsujimoto H. A population of wheat synthetic derivatives: an effective platform to explore, harness and utilize genetic diversity of *Aegilops tauschii* for wheat improvement. *Theor. Appl. Genet.* 2018. Vol. 131. P. 1615–1625.
- Ribarov Stefan R., Petyo G. Bochev. A chemiluminescent method for measurement of activated oxygen forms in biological fluids and homogenates. *Journal of Biochemical and Biophysical Methods*. 1983. Vol. 8.3. P. 205–212.

References

- Burlaka, O.M., & Sorochynskyi, B.V. (2010). Biofortyfikatsiia silskohospodarskykh rosllyn [Biofortification of agricultural plants]. *Biotekhnolohiia [Biotechnology]*, 5, 31–42 [in Ukrainian].

- Didenko, S.Yu., Relina, L.I., Usova, Z.V., Vecherzka, L.A., Bohuslavskiy, R.L., & Motsnyi, I.I. (2017). Stvorennia liniy pshenytsi ozymoi miahkoi z zaluchennia genetichnoi plazmy *Thinopyrum intermedium* [Creation of soft winter wheat lines involving genetic plasma *Thinopyrum intermedium*]. *Henetychni resursy roslyn [Plant Genetic Resources]*, 20, 21–31 [in Ukrainian].
- DSTU 3768–2010. (2010). Pshenytsia. Tekhnichni umovy [Wheat. Technical specifications]. Derzhspozhivstandart Ukrainy [State Consumer Standard of Ukraine], 14 [in Ukrainian].
- Zabarna, Yu.V. (2013). Poniatiino-katehoriina sutnist hlobalnoi prodovolchoi bezpeky [Conceptual and categorical essence of global food security]. *Naukovyi visnyk Natsionalnoho universytetu biorysursiv i pryrodokorystuvannia Ukrainy. Ser.: Ekonomika, ahrarnyi menedzhment, biznes [Scientific Bulletin of the National University of Bioresources and Nature Management of Ukraine. Series: Economics, Agrarian Management, Business]*, 181, 162–167 [in Ukrainian].
- Malakhova, L.V. (2013). Shliakhy podolannia prykhovanoho holodu yak skladovoi hlobalnoi prodovolchoi problemy [Ways to overcome hidden hunger as part of the global food problem]. *Visnyk Kharkivskoho natsionalnoho universytetu imeni V. N. Karazina. Seria: Mizhnarodni vidnosyny. Ekonomika. Krainoznavstvo. Turyzm [Bulletin of Kharkiv National University named after V. N. Karazin. Series: International Relations. Economics. Country Studies. Tourism]*, 1086 (2), 86–89 [in Ukrainian].
- Motsnyi, I.I., Nargan, T.P., Nakonechnyi, M.Yu., Lifenko, S.P., Molodchenkova, O.O., & Mishchenko, L.T. (2021). Riznomanittia pokhidnykh viddalenoj hibrydyzatsii ozymoi pshenytsi za stiikistiu do khvorob ta inshymy chuzhynnymy oznakamy [Diversity of derivatives of distant hybridization of winter wheat for resistance to diseases and other foreign traits]. *Visnyk Odeskoho natsionalnoho universytetu. Biolohiia [Bulletin of the Odessa National University. Biology]*, 26 (2), 51–72. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2\(49\).246884](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2(49).246884) [in Ukrainian].
- Motsnyi, I.I., Molodchenkova, O.O., Nargan, T.P., Nakonechnyi, M.Yu., Lifenko, S.P., Fanin, Ya.S., & Mishchenko, L.T. (2022). Otsinka pokhidnykh viddalenoj hibrydyzatsii pshenytsi za ahronomichnymy oznakamy v posushlyvykh umovakh pivdnia Ukrainy [Evaluation of distant hybridization derivatives of wheat by agronomic traits in the arid conditions of southern Ukraine]. *Fakty eksperymentalnoi evoliutsii orhanizmiv [Factors of Experimental Evolution of Organisms]*, 31, 71–76. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v31.1487> [in Ukrainian].
- Nakonechnyi, O.A., & Zhiliakov, D.V. (2017). Udoskonalennia metodiv kontroliu optychnykh kharakterystyk tsilnoho zerna pshenytsi iz zastosuvanniam blyzhnoho infrakrasnoho spektra [Improvement of methods for controlling the optical characteristics of whole wheat grain using the near-infrared spectrum]. *Tekhnichna tvorchiist [Technical Creativity]*, 6, 53–56 [in Ukrainian].
- Rybalko, O.I., Chervonis, M.V., Parfentieiev, M.H., & Akselrud, D.V. (2006). Pat. No 17023 Ukraina, A01N 1/04. Sposib nepriamoj otsinky «syly» boroshna – sedymentatsiia SDS-30 [Method for indirect assessment of flour «strength» – SDS-30 sedimentation]. *Sotsiolohichno-henetichniy instytut [Sociological and Genetic Institute]*, № u200610062, 15.09.2006, Byul. № 9 [in Ukrainian].
- Skelecka, L.F., Podpriatov, H.I., & Zavadzka, O.V. (2006). Osnovy naukovykh doslidzhen zi zberihannia ta pererobky produktsii roslynnytstva [Fundamentals of scientific research on storage and processing of crop production]. Kyiv: NAU [in Ukrainian].
- Shelepov, V.V., Havryliuk, N.N., & Verhunov, V.A. (2013). Pshenytsia: biolohiia, selektsiia, morfolohiia, nasinniivnytstvo [Wheat: Biology, selection, morphology, seed production]. Kyiv: Logos, 498 p. [in Ukrainian].
- Cantu, D., Pearce, S.P., Distelfeld, A., Christiansen, M.W., Uauy, C., Akhunov, E., Fahima, T., & Dubcovsky, J. (2011). Effect of the down-regulation of the high Grain Protein Content (GPC) genes on the wheat transcriptome during monocarpic senescence. *BMC Genomics*, 12, 492–509. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-492> [in English].
- Cox, T., Wu, J., Wang, Sh., Cai, J., Zhang, Q., & Fu, B. (2017). Comparing two approaches for introgression of germplasm from *Aegilops tauschii* into common wheat. *The Crop Journal*, 5, 355–362. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2017.05.006> [in English].
- Distelfeld, A., Uauy, C., Olmos, S., Schlatter, A.R., Dubcovsky, J., & Fahima, T. (2004). Microcolinearity between a 2-cM region encompassing the grain protein content locus *Gpc-6B1* on wheat chromosome 6B and a 350-kb region on rice chromosome 2. *Functional & Integrative Genomics*, 4, 59–66. <https://doi.org/10.1007/S10142-003-0097-3> [in English].
- Fox, S.L., Townley-Smith, T.F., Humphreys, D.G., McCallum, B.D., Fetch, T.G., Gaudet, D.A., Gilbert, J.A., Menzies, J.G., Noll, J.S., & Howes, N.K. (2005). Somerset hard red spring wheat.

[Electronic resource] URL: <http://www.pgdc.ca/pdfs/wrt/cultivardescriptions/Somerset.pdf> (access date 10.10.2024) [in English].

Gorafi, Y., Kim, J.-S., Elbashir, A., & Tsujimoto, H. (2018). A population of wheat synthetic derivatives: An effective platform to explore, harness and utilize genetic diversity of *Aegilops tauschii* for wheat improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 131, 1615–1625 [in English].

Ribarov, S.R., & Bochev, P.G. (1983). A chemiluminescent method for measurement of activated oxygen forms in biological fluids and homogenates. *Journal of Biochemical and Biophysical Methods*, 8(3), 205–212 [in English].

Отримано: 31.10.2024

Прийнято: 18.11.2024