

Сонячна – 1,9 т/га, Седмиця – 1,8 т/га, Шарм – 1,7 т/га, Офелія, Лара, Маша – 1,6 т/га.

Так, у виробничих посівах ПП ЕНАФ «Мрія» Київської області урожайність складала по сортах: Спринт, Маша, Лара – 3,0 т/га, Седмиця – 3,2 т/га, Шарм – 3,6 т/га, Сонячна – 4,0 т/га, Офелія – 4,4 т/га.

Велика увага в ІОК приділяється селекції сортів з коротким вегетаційним періодом (до 90 діб), придатних для вирощування у основних посівах, коли постає задача раннього збирання сої, чи різко порушуються строки її посіву. Використання ранньостиглих сортів дозволяє вирощувати сою у якості страхової, поукісної або пожнивної культури. За останні роки селекціонери домоглися великих успіхів у створенні нових сортів.

У 2007 році до державного сортопробування передано скоростиглий сорт сої Галі з тривалістю вегетаційного періоду до 90 днів, у 2009 р. – скоростиглий сорт сої харчового використання Дені, у 2010 р. – сорт сої Рапсодія з підвищеним вмістом олії у насінні 24-25 %.

Скоростиглі сорти Галі і Дені при посіві в оптимальні строки дозрівають у другій – третій декадах серпня. В оптимальних умовах вони здатні формувати врожай до 3,0 т/га. За результатами державного сортопробування у 2012 році сорт сої Галі внесений до Державного реєстру сортів рослин України.

У таблиці наведена середня урожайність нових сортів за даними різних сортопробувальних ділянок за 2009-2011 роки (табл. 4).

**Таблиця 4 – Результати польових досліджень сортів сої селекції ІОК на ділянках сортопробувань (2009-2011 рр.)**

Сорт	Середня урожайність, т/га			Сортоділянка
	2009	2010	2011	
Галі	3,6	2,1		Хмельницький ДЦЕСР
	2,6	3,3		Первомайська ДСС
	2,0	3,0		Вінницький ДЦЕСР
	2,3	2,0		Полтавський
	2,3	3,4		Кілійська ДСС
Дені		3,2	4,1	Вінницький ДЦЕСР
		2,5	2,8	Полтавський ДЦЕСР
		3,0	3,2	Первомайська ДСС
		3,3	2,6	Кілійська ДСС
			4,4	Кельменецька ДСС
			2,8	Дніпропетровський ДЦЕСР
			2,9	Константинівська ДСС

У посушливі роки завдяки короткому вегетаційному періоду сорти сої здатні уникати посухи. Для сучасних сортів в умовах недостатнього зволоження важлива підвищена адаптивність – скорочення вегетаційного періоду та збільшення тривалості фази цвітіння, що призводить до уникнення одночасного квітування при максимально високій температурі.

**Висновки.** Таким чином, створення нових сортів сої з високим потенціалом продуктивності та підвищеною адаптивністю до умов Степу та Лісостепу дозволить отримати більш високі та стабільні врожаї у виробництві. Ці сорти поширять сферу вирощування сої у різних виробничих ситуаціях – у основних та повторних посівах. Це буде сприяти не тільки розви-

тку виробництва цінного зерна сої, але і підвищить значимість культури.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Бабич А.О., Бабич-Побережна А.А. Світові та вітчизняні тенденції розміщення виробництва і використання сої для розв'язання проблеми білка. // Корми і кормовиробництво. – 2012. – Вип. 71, – С. 13-27.
2. Іванюк С.В. Формування сортових ресурсів сої відповідно до біокліматичного потенціалу регіону вирощування // Корми і кормовиробництво. – 2012. – Вип. 71, – С. 33-42.
3. Адаменко Т.І. Зміна агрокліматичних умов та їхній вплив на зернове господарство України // <http://www.ioi.org.ua/ukr/Showart.php>.

УДК 633.15:575.085

### БІОІНФОРМАЦІЙНА ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОМУ КУКУРУДЗИ У ЗВ'ЯЗКУ З ПРОВЕДЕННЯМ SNP-АНАЛІЗУ СЕЛЕКЦІЙНОГО МАТЕРІАЛУ

**В.В. БОРИСОВА**

**В.Ю. ЧЕРЧЕЛЬ** – кандидат с.-г. наук

**Б.В. ДЗЮБЕЦЬКИЙ** – доктор с.-г. наук, професор, академік НААН

**Т.М. САТАРОВА** – доктор біол. наук, професор

ДУ Інститут сільськогосподарства степової зони НААН

Ефективність селекції нових високопродуктивних сортів сільськогосподарських рослин визначається їх внутрішньовидовим генетичним різноманіттям. Свідомий добір кращих варіантів для використання в селекційному процесі та спрямоване розширення генетичної варіабельності потребує монитори-

нгу та класифікації генофонду кукурудзи, оцінки взаємозв'язків генетичного поліморфізму з фенотиповим проявом цінних ознак. Оскільки генотиповий та фенотиповий прояв ознак визначається на рівні ДНК, для його оцінки необхідно застосовувати молекулярно-генетичні методи аналізу.

Для селекційної практики дуже важливим є розвиток порівняльної геноміки, в т. ч. методів характеристики геномного (генетичного) поліморфізму, визначення закономірностей його реалізації серед генофонду та зв'язку з фенотиповим різноманіттям. Ю. М. Сиволап та ін. [1] визначають генетичний ДНК-поліморфізм як існування в популяції двох і більше уривчастих варіантів генів (алелів) або негенних ділянок ДНК.

SNP-метод аналізу ДНК-поліморфізму (single nucleotide polymorphism) – це сучасний молекулярно-генетичний метод, основи якого викладені у роботах [1,2]. Однонуклеотидний поліморфізм виникає в результаті точкових замін нуклеотидів в ланцюгу ДНК. Такі заміни досить часто трапляються в геномах. Наприклад, в геномі людини вони оцінюються як 1 на 1000 основ [3,4]. При цьому заміна нуклеотиду не змінює довжину ДНК. Однонуклеотидні заміни відбуваються як в кодуючих, так і в регуляторних та негенних ділянках геному, але більшість з них локалізується в некодуючих та негенних ділянках і через це не відображається в фенотипі. Саме такі однонуклеотидні заміни використовуються як SNP-маркери для аналізу поліморфізму та в інших дослідженнях [1].

Сучасні SNP-технології розрізняються за принципом проведення реакцій гібридизації, методом детекції однонуклеотидних замін та використовують різні носії для проведення і реєстрації результатів аналізу [2]. На сьогодні завдяки спільним зусиллям багатьох компаній досягнуто високого ступеня детекції SNP та створено бази даних SNP-маркерів, які для деяких видів, наприклад, для людини, налічують декілька мільйонів. SNP-маркери завдяки своїй рясності та повсюдності в геномі, придатності використання у різних типах форматів і платформ, високій продуктивності та автоматизації, можливості обміну інформацією у публічних базах даних є найбільш використовуваними в селекції рослин типами маркерів [5,6].

SNP-маркери широко застосовуються для вирішення різноманітних завдань селекції, генетики та геноміки. Для селекції найбільш продуктивними напрямками їх використання є аналіз ступеня та характеру варіабельності цільових гомологічних ділянок геному у різних особин генофонду. Метод дозволяє диференціювати інбредні лінії та класифікувати їх за гетерозисними групами, ідентифікувати пропуски в генетичних колекціях, проводити моніторинг генетичного дрейфу, який має місце при збереженні зародкової плазми, виявляти нові алелі для покращення агрономічних якостей, конструювати репрезентативні добірки генотипів для колекцій та селекційного процесу [7].

У кукурудзи методом широкогеномного однонуклеотидного поліморфізму здійснена глобальна характеристика генофонду на основі дослідження 394 ліній Міжнародного центру з поліпшення кукурудзи та пшениці (СУММІТ), 282 китайських і 94 бразильських ліній [7] та 632 ліній помірної, тропічної і субтропічної поясів [8]. Проведені дослідження світових колекцій дозволили охарактеризувати загальну мінливість генофонду за частотою однонуклеотидних замін в геномі кукурудзи, визначити частоту мінорних, унікальних та пропущених алелів, сформувати гетерозисні групи для прогнозування ефективності доборів в селекційному процесі. Нажаль, до цього часу поліморфізм генофонду ліній української селекції не оцінювався за SNP-маркерами, методологія, особливості застосування та потенційні можливості вико-

ристання цього методу в практиці селекційних установ України не досліджені. У зв'язку з цим нами започатковано дослідження 270 ліній кукурудзи селекції ДУ Інституту сільськогосподарства степової зони НААН та компанії "Maic" з SNP-генотипування для встановлення ступеня та характеру поліморфізму для використання в селекційному процесі цієї культури. В роботі використані 384 SNP-маркери фірми BioDiagnostics Inc. (США). Метою даної публікації є біоінформаційний аналіз ділянок геному кукурудзи, які містять використані SNP-маркери, для подальшої оцінки ступеня поліморфізму генофонду ліній кукурудзи української селекції.

**Методика проведення дослідження.** Панель з 384 SNP-маркерів BDI-III була створена фірмою BioDiagnostics Inc. (США), спільно з якою нами було проведено аналіз однонуклеотидного поліморфізму ліній кукурудзи української селекції за методиками, наведеними у [2,9]. Маркери були обрані *in silico* шляхом аналізу 95 комерційних інбредних ліній кукурудзи і розташовуються на всіх 10 хромосомах. Визначення характеристик ділянок геному кукурудзи, на яких знаходяться 384 SNP-маркери, проводили з використанням комп'ютерних біоінформаційних баз даних "Genome" [10], "Gene" [11] та "MaizeGDB" [12] та "Panzea" [13]. Всі вихідні дані в таблицях представлені за матеріалами [9-14].

**Результати та обговорення.** Гаплоїдний набір кукурудзи складається з 10 хромосом, соматичні клітини містять по 20 хромосом, які відрізняються за довжиною та розташуванням центромери. За визначенням P. S. Schnable et al. [15], довжина геному кукурудзи становить 2,3 гігабаз (2,3·10<sup>9</sup> п. о.). Сучасний геном кукурудзи сформувався за кілька раундів дуплікації геному предкової форми, головний з яких, як припускають [16], відбувся 70 млн. років тому, а додатковий – 5-12 млн. років тому [17]. Значний внесок у збільшення геному кукурудзи був зроблений транспозонними елементами. Зокрема, близько 3 млн. років тому геном цієї культури набув свого кінцевого розміру через появу довгих термінальних повторів, спричинену дією транспозонів [18].

Маса геному кукурудзи варіює у різних генотипів в діапазоні 2,45-3,35·10<sup>-12</sup> г [цит. по 19], за іншими даними – в межах 3,3-7,7·10<sup>-12</sup> г [цит. по 20]. За інформацією комп'ютерної бази даних "Genome" [10], секвенований геном лінії кукурудзи B73 (послідовність B73 RefGen\_v2 довжиною 2,0657 Мбп, що дорівнює 2,0657·10<sup>9</sup> п. о.) містить 39 тис. 454 гени, які кодують 63 тис. 335 типів протеїнів [15].

Розробка методик рестрикційного аналізу та клонування дозволили перейти до картування геномів рослин. Для кукурудзи найчастіше використовують представлену у більшості баз даних RFLP-карту геному кукурудзи, яка складена J. M. Gardiner et al. у 1993 році [21] на основі аналізу F<sub>2</sub> і F<sub>3</sub> поколінь популяції Tх303×Сo159. Залучення для подальшого геномного картування відомих ліній Oh40В, Oh43, W8A, W153R, С103, Мо17, С1187, В73, В37 дозволило поділити кожен хромосому кукурудзи на певні сектори – біни (від англійського *bin* – ніша, бункер) і визначити корові маркери на RFLP-карті, які відділяють біни один від одного. В результаті кожна хромосома стала представляти собою серію бінів, яка слугує скелетом для розподілу геномної інформації та локалізації маркерів, генів тощо. Вже на рестрикційній карті J. M. Gardiner et al. [21] були локалізовані деякі локуси, що містять функціонуючі гени. Зокрема, на хромосомі 1 були ідентифіковані локуси, що міс-

тять гени для кодування субодиниці протеїну G та білка теплового шоку 26-kD, P-ген (копір перикарпа), Vz2-ген та Alb1-ген (альбумін ендосперму), які розташовуються, відповідно, у бінах 1.02, 1.03, 1.04, 1.10 та 1.11 (цифра перед крапкою позначає номер хромосоми, а цифри після крапки номер біна на цій хромосомі).

За сучасними уявленнями біни на карті геному кукурудзи – це сегменти довжиною приблизно 20 сМ, які фланковані коровими маркерами [22] та вміщують всі локуси від верхнього корового маркера до наступного корового маркера. Віднесення того чи іншого локусу до певного біна залежить від точності картування, яка збільшується разом зі зростанням кількості маркерів та розміру популяції. Інформація про локалізацію генів на відповідних хромосомах та бінах містить база даних MaizeGDB [12] та інші. Кожен ген, локус, ідентифікована нуклеотидна послідовність при картуванні входить до складу певного біну. Наприклад, представлений у MaizeGDB молеку-

лярний клон p-umc8 містить локуси, які віднесено до бінів 1.01, 1.03, 2.03, 2.04 та 2.05.

Відомо, що існує певне варіювання довжини окремих локусів, хромосом і, в цілому, геному кукурудзи через внутрішньовидовий поліморфізм [20, 23, 24], але існують загальні закономірності розподілу генетичної інформації для цієї культури. Для аналізу сучасної інформації щодо організації геному кукурудзи ми користувалися даними стосовно секвенованого геному кукурудзи лінії B73, версія RefGen\_v2, яка найбільш повно представлена у базах даних. Існує також версія геному лінії B73 RefGen\_v1, де більшу увагу приділено ідентифікації транспозонових елементів геному, та ВАС-сиквенс, отриманий на основі клонування з використанням як векторів штучних хромосом бактерій [12,15].

Загальна довжина кожної хромосоми кукурудзи та кількість бінів в ній представлені в табл. 1. В табл. 2 наведено характеристики центромерних районів 10 хромосом гаплоїдного набору.

**Таблиця 1 – Загальна довжина хромосом кукурудзи та кількість бінів**

Номер хромосоми	Загальна довжина, Mbp	Кількість бінів	Номер хромосоми	Загальна довжина, Mbp	Кількість бінів
1	301,4	12	6	169,2	8
2	237,1	9	7	176,8	6
3	232,1	10	8	175,8	9
4	241,5	10	9	156,8	8
5	217,9	8	10	150,2	7

Довжина всіх хромосом – 2058,8 Mbp, всього бінів – 87

**Таблиця 2 – Локалізація центромерних районів на хромосомах кукурудзи**

Номер хромосоми	бін	Координата на хромосомі, Mbp*		Довжина нуклеотидної послідовності, Mbp
		початок	закінчення	
1	1.05	134,4	135,0	0,6
2	2.05	92,9	94,7	1,8
3	3.04	99,7	100,7	1,0
4	4.05	105,3	106,1	0,8
5	5.04	102,3	109,2	6,9
6	6.01	49,6	50,0	0,4
7	7.02	54,6	62,5	7,9
8	8.03	49,0	51,4	2,4
9	9.03	72,2	72,7	0,5
10	10.03	50,1	52,4	2,3

\* - координати обчислюються від теломери короткого плеча хромосоми

Як видно з таблиць, загальна довжина хромосом кукурудзи секвенованої послідовності за сумою бінів складає 2056,8 мегабаз пар основ (Mbp), тобто  $2056,8 \cdot 10^6$  пар основ. Кількість бінів, на які поділені хромосоми, варіює від 6 до 12, загальна їх кількість складає 87. Найдовша хромосома 1 поділяється на 12 бінів, найкоротша хромосома 10 – на 7 бінів, найменшу їх кількість, шість, має хромосома 7. Центромерні послідовності всіх хромосом розташовуються в найдовших бінах і мають довжину 0,4-7,9 Mbp.

В додатках 1-10, окремо для кожної хромосоми, подано характеристику бінів за коровими маркерами, тобто визначеними нуклеотидними послідовностями, які відділяють один бін від іншого. Перший бін бере початок від теломери короткого плеча хромосоми, тому не має корового маркера на верхній границі. На рестрикційних картах біни мають чітку нуклеотидну

локалізацію, яка приведена в таблицях і дає можливість вирахувати їх довжину.

Біни однієї хромосоми варіюють за довжиною, причому найдовшим біном на кожній хромосомі є той, що містить центромеру. Для метацентричних на субметацентричних хромосом найдовший бін займає положення в середині або поблизу середини хромосоми. Для акроцентричних хромосом центромерний район потрапляє в сектори, що розташовуються ближче до теломери, наприклад, для шостої хромосоми в бін 6.01. Треба враховувати, що прицентромерні та центромерні частини хромосом і біни, в яких вони розташовані, як правило, містять значну кількість гетерохроматинових ділянок.

В таблиці 3 наведена кількість генів та додаткових локусів, для яких визначена не тільки нуклеотидна послідовність та фенотиповий прояв, але і локалізація на хромосомах і бінах.

**Таблиця 3 – Кількість генів та додаткових локусів, ідентифікованих на хромосомах кукурудзи із локалізацією у відповідних бінах**

1*	2/3	1	2/3	1	2/3	1	2/3	1	2/3
1.00	43/31	2.00	18/40	3.00	10/25	4.00	17/24	5.00	25/104
1.01	62/133	2.01	23/65	3.01	12/56	4.01	36/85	5.01	27/111
1.02	60/154	2.02	32/132	3.02	18/67	4.02	32/60	5.02	25/108
1.03	68/239	2.03	31/135	3.03	15/62	4.03	32/82	5.03	55/399
1.04	63/164	2.04	38/236	3.04	38/331	4.04	37/146	5.04	52/281
1.05	67/234	2.05	38/204	3.05	62/306	4.05	50/299	5.05	65/199
1.06	76/248	2.06	37/185	3.06	53/257	4.06	32/172	5.06	51/153
1.07	63/212	2.07	34/204	3.07	38/158	4.07	27/92	5.07	40/90
1.08	59/191	2.08	33/254	3.08	42/169	4.08	36/239	5.08	40/77
1.09	59/146	2.09	34/111	3.09	44/205	4.09	41/194	5.09	36/30
1.10	68/197	2.10	25/48	3.10	44/205	4.10	29/67		
1.11	65/163					4.11	26/44		
1.12	52/46								
Всього на хромосомі									
Хр. 1	805/ 2158	Хр. 2	343/ 1614	Хр. 3	376/ 1841	Хр. 4	395/ 1395	Хр. 5	416/ 1552
1*	2/3	1	2/3	1	2/3	1	2/3	1	2/3
6.00	15/102	7.00	16/61	8.00	8/30	9.00	16/41	10.00	16/48
6.01	39/285	7.01	20/97	8.01	14/102	9.01	23/105	10.01	23/70
6.02	45/124	7.02	46/343	8.02	13/147	9.02	35/178	10.02	25/116
6.03	40/74	7.03	42/296	8.03	30/280	9.03	47/240	10.03	45/247
6.04	45/124	7.04	36/254	8.04	32/168	9.04	31/187	10.04	40/257
6.05	59/263	7.05	23/133	8.05	40/250	9.05	24/143	10.05	29/127
6.06	34/142	7.06	22/47	8.06	25/213	9.06	29/111	10.06	46/118
6.07	37/112			8.07	21/115	9.07	27/107	10.07	29/121
6.08	29/55			8.08	24/94	9.08	18/39		
				8.09	18/41				
Всього на хромосомі									
Хр. 6	343/ 1281	Хр. 7	210/ 1231	Хр. 8	225/ 1440	Хр. 9	250/ 1151	Хр. 10	253/ 1104

\*1 – номер хромосоми та номер біна, 2 – кількість генів, знайдених на відповідній хромосомі з встановленою бін-локалізацією, 3 – додаткові локуси, ідентифіковані у відповідному біні

Щільність ідентифікованих генів на 1 бін варіює для різних хромосом та бінів. Найменша кількість генів визначена для хромосоми 7, а найбільша – для найдовшої хромосоми 1. Загалом кількість локалізованих генів більш менш рівномірно розподілена між бінами однієї хромосоми. Лише в бінах, які охоплюють теломерні зони, їх суттєво менше. Ділянки, які містять центромерні послідовності нуклеотидів і є найдовшими фрагментами хромосом, найчастіше містять кількість генів, наближену до їх кількості в нецентромерних бінах. Лише на хромосомах 4, 9 та 10 кількість ідентифікованих генів у центромерних бінах дещо більша за інші. Таке розподілення генів ще раз свідчить про низьку генетичну активність теломерних і центромерних районів, які, перш за все, виконують структурні функції. Середня кількість генів на бін дещо варіює для різних хромосом, від найменшої, 16-46, на хромосомах 7 та 10, до найбільшої на хромосомі 1, 43-76. Треба зазначити, що в табл. 3 наведені лише гени і локуси з визначеною локалізацією в бінах. Насправді, їх кількість значно більша. Наприклад, для хромосоми 7 локалізація в бінах зазначена для 210 генів та 1231 додаткових локусів, а загалом на хромосомі 7 за даними [12] знайдено більше 420 генів та 5570 додаткових локусів.

Для визначення одноступінчастого поліморфізму запропоновано використовувати 384 спеціально підібраних SNP-маркерів панелі BDI-III, локалізація

яких на хромосомах та на бінах показана в таблиці 4. Середня щільність цих SNP-маркерів представлена в таблиці 5.

Середня щільність 384 SNP-маркерів панелі BDI-III в геномі кукурудзи складає 1 маркер на 5,36 Mbp. Розподіл SNP-маркерів BDI-III по 10 хромосомах є майже рівномірним, у середньому 1 маркер на 4,51-6,27 Mbp. Лише на хромосомі 5 їх щільність вища – 1 на 3,89 Mbp, а на хромосомі 7 – нижча – 1 на 7,37 Mbp. Внутрішньохромосомний розподіл маркерів за бінами нерівномірний і, в певній мірі, відображає поліморфізм самих бінів за довжиною нуклеотидної послідовності та локалізацією теломерних та центромерних районів. Так, найменш щільно вкриті SNP-маркерами BDI-III біни, що містять центромери, за виключенням хромосоми 6, центромерний бін 6.01 якої має дещо більшу щільність покриття маркерами ніж розташовані у середині довгого плеча сектори 6.04 та 6.05.

Деякі біни, а саме 1.00, 2.00, 3.00, 4.11, 6.00, 6.08, 8.00, 9.00, 9.08, 10.00 та 10.05, панель BDI-III з 384 SNP-маркерів не охоплює. Звертає увагу, що поблизу теломерних районів щільність вкриття маркерів помітно зростає. Дещо нерівномірне розташування SNP-маркерів на бінах і хромосомах є наслідком спеціального добору SNP-маркерів панелі BDI-III у найбільш поліморфних районах.

Таблиця 4 – Розподіл 384 SNP-маркерів (BDI-III) на хромосомах кукурудзи

1 *	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
1.00	-	-	2.00	-	-	3.00	-	-	4.00	134-136	3	5.00	177-180	4
1.01	1-4	4	2.01	51-54	4	3.01	96-99	4	4.01	137-139	3	5.01	181-186	6
1.02	5,6	2	2.02	55-63	9	3.02	100,101	2	4.02	140-143	4	5.02	187-189	3
1.03	7-10	4	2.03	64-67	4	3.03	102-105	4	4.03	144-146	3	5.03	190-203	14
1.04	11-14	4	2.04	68-74	7	3.04	106-114, 373	10	4.04	147-150	4	5.04	204-213	10
1.05	15-17, 376, 377	5	2.05	75-77	3	3.05	115-118	4	4.05	151-153	3	5.05	214-218	5
1.06	18-21	4	2.06	78-82	5	3.06	119-121	3	4.06	154-156, 371	4	5.06	219-221	3
1.07	22-24	3	2.07	83-87	5	3.07	122-125	4	4.07	157-159, 384	4	5.07	222-225	4
1.08	25-28	4	2.08	88-92	5	3.08	126,127	2	4.08	160-168	9	5.08	226-228, 375	4
1.09	29,30	2	2.09	93-95	3	3.09	128-130	3	4.09	169-173	5	5.09	229-231	3
1.10	31-34	4	2.10	381	1	3.10	131-133	3	4.10	174-176	3			
1.11	35-47	13							4.11	-	-			
1.12	48-50	3												
Всього		52			46			39			45			56
6.00	-	-	7.00	261, 262	2	8.00	-	-	9.00	-	-	10.00	-	-
6.01	232-239,378, 379	10	7.01	263, 264	2	8.01	282-288, 368	8	9.01	319-322	4	10.01	343, 344	2
6.02	240-244	5	7.02	263-269	5	8.02	289-292	4	9.02	323-325,383	4	10.02	345-348	4
6.03	245,246	2	7.03	270-272, 369	4	8.03	293-298	6	9.03	326-330	5	10.03	349-352	4
6.04	247,380	2	7.04	273, 274	2	8.04	299-302	4	9.04	331-335	5	10.04	353-358	6
6.05	248-251	4	7.05	274-279	6	8.05	303-307	5	9.05	336-338	3	10.05	-	-
6.06	252-256	5	7.06	280, 281, 370	3	8.06	308-310, 382	4	9.06	339-340	2	10.06	359-361	3
6.07	257-260	4				8.07	311-312	2	9.07	341-342	2	10.07	362-367, 372	7
6.08	-	-				8.08	313-315	3	9.08	-	-			
						8.09	316-318	3						
Всього		32			24			39			25			26

\* 1 – номер хромосоми та номер біна, 2 - номери SNP-маркерів (BDI-III), 3 – кількість SNP-маркерів (BDI-III)

**Таблиця 5 – Середня щільність SNP-маркерів (BDI-III) на хромосомах кукурудзи**

1	2	1	2	1	2	1	2	1	2
1.00	-	2.00	-	3.00	-	4.00	1:0,23	5.00	1:0,83
1.01	1:2,59	2.01	1:0,66	3.01	1:0,54	4.01	1:1,45	5.01	1:0,78
1.02	1:8,43	2.02	1:1,20	3.02	1:2,36	4.02	1:1,59	5.02	1:2,29
1.03	1:5,72	2.03	1:3,28	3.03	1:1,13	4.03	1:3,40	5.03	1:4,71
1.04	1: 7,61	2.04	1:6,14	3.04	1:11,31	4.04	1:2,67	5.04	1:9,16
1.05	1:18,61	2.05	1:27,13	3.05	1:10,53	4.05	1:39,61	5.05	1:4,58
1.06	1:5,80	2.06	1:6,81	3.06	1:7,56	4.06	1:4,99	5.06	1:3,10
1.07	1:9,80	2.07	1:3,54	3.07	1:3,56	4.07	1:2,19	5.07	1:1,78
1.08	1:5,50	2.08	1:3,68	3.08	1:5,25	4.08	1:2,80	5.08	1:0,94
1.09	1:8,88	2.09	1:4,05	3.09	1:5,43	4.09	1:6,35	5.09	1:0,80
1.10	1:3,83	2.10	1:2,27	3.10	1:0,02	4.10	1:0,91		
1.11	1:1,14					4.11	-		
1.12	1:1,13								
Xp.1	1:5,80	Xp.2	1:5,15	Xp.3	1:5,95	Xp.4	1:5,37	Xp.5	1:3,89
6.00	-	7.00	1:2,35	8.00	-	9.00	-	10.00	-
6.01	1:7,85	7.01	1:4,57	8.01	1:1,03	9.01	1:2,12	10.01	1:1,18
6.02	1:1,98	7.02	1:22,86	8.02	1:2,77	9.02	1:2,87	10.02	1:2,14
6.03	1:3,89	7.03	1:6,97	8.03	1:14,67	9.03	1:15,50	10.03	1:18,7
6.04	1:8,20	7.04	1:6,14	8.04	1:3,45	9.04	1:5,24	10.04	1:6,60
6.05	1:8,23	7.05	1:1,01	8.05	1:4,79	9.05	1:3,21	10.05	-
6.06	1:1,48	7.06	1:0,80	8.06	1:4,71	9.06	1:5,71	10.06	1:2,03
6.07	1:1,44			8.07	1:2,03	9.07	1:3,31	10.07	1:0,97
6.08	-			8.08	1:1,21	9.08	-		
				8.09	1:0,80				
Xp.6	1:5,29	Xp.7	1:7,37	Xp.8	1:4,51	Xp.9	1:6,27	Xp.10	1:5,78

Всього по геному 1:5,36

1 – номер біна, 2 – середня щільність SNP-маркерів (BDI-III), 1маркер:Mbp

Таким чином, проведений аналіз показав відносно рівномірне розташування SNP-маркерів панелі BDI-III, які використовуються для характеристики одонуклеотидного поліморфізму селекційного матеріалу кукурудзи. Середня щільність локалізації SNP-маркерів BDI-III становить 1 на 5,36 Mbp. Щільність розподілу маркерів за бінами на хромосомах варіює, що до деякої міри відображає варіювання розмірів нуклеотидних послідовностей бінів, лімітованих коровими маркерами, розподіл генів, теломерних та центромерних ділянок.

**СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:**

1. Сиволап Ю.М. Вариабильность и специфичность геномов сельскохозяйственных растений / Ю.М. Сиволап, Н.Э. Кожухова, Р.Н. Календарь. – О.: Астропринт, 2011. – 336 с.
2. Syvänen A.-Ch. Accessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms / A.-Ch. Syvänen// Nature reviews/Genetics.- 2001.- Vol. 2. – P. 930-942.
3. Vignal A. A review SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics/A. Vignal et al.// Genetics, selection, evolution. – 2002. – Vol. 34, N 3. – P.275-305.
4. Venter J.C. The sequence of the human genome / J.C. Venter et al.// Science. – 2001. – Vol.291. – P.1304-1351.
5. Mammadov J. SNP markers and their impact on plant breeding / J.Mammadov et al.// Int. J. Plant Genomics. – 2012. – doi: 10.1155/2012/728398.
6. Ganai M.W. Review SNP identification in crop plants / M.W. Ganai et al. // Curr. Opin. Plant Biol. – 2009. – Vol. 12, N 2. – P.211-217.
7. Lu Y. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms / Y. Lu et al. // Theor. Appl. Genet. – 2009. – Vol.120. – P.93-115.
8. Yan J. Genetic characterization and linkage disequilibrium estimation of a global maize collection using SNP markers /

- J. Yan, T. Shah, M. L. Warburton et al.// PLoS ONE. – 2009. – Vol.4, issue 12. – P. 1-13. e8451.
9. www.biodiagnostics.net
10. www.ncbi.nih.gov/genome
11. www.ncbi.nih.gov/gene
12. www.maizegdb.org
13. www.panzea.org/index.html
14. www.ncbi.nih.gov/nucleotide
15. Schnable P.S. The B73 maize genome complexity, diversity, and dynamics / P.S. Schnable et al. // Science. – 2009. – Vol.326. – P. 1112-1115.
16. Paterson A.H. Ancient polyploidization predating divergence of the cereals, and its consequences for comparative genomics / A. H. Paterson et al. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 2004. – Vol. 101. – P. 9903-9908.
17. Blanc G. Widespread paleopolyploidy in model plant species inferred from age distributions of duplicate genes / G. Blanc, K. H. Wolfe // Plant Cell. – 2004. – Vol. 16. – P. 1667-1678.
18. SanMiguel P. The paleontology of intergene retrotransposons of maize / P. SanMiguel et al. // Nat. Genet. – 1998. – Vol. 20. – P.43-45.
19. Bullock D.G. Nuclear and chromosomal DNA amounts in Zea mays spp. Mays / D.G. Bullock, A. L. Raybun // Maydica. – 1991. – Vol. 36. – P.247-250.
20. Лобов В.П. Организация нуклеотидных последовательностей ДНК растений / В.П. Лобов и др. – К.: Наукова думка, 1986. – 140 с.
21. Gardiner J.M. Development of a core RFLP map in maize using an immortalized F<sub>2</sub> population / J.M. Gardiner et al. // Genetics. – 1993. – Vol.134. – P. 917-930.
22. Yap N. Maize bin / N. Yap. – www.maizegdb.
23. Springer N.M. Maize inbreds exhibit high levels of copy number variation (CNV) and presence/absence variation (PAV) in genome content / N.M. Springer et al. // PLoS Genet. – 2009. – Vol. 5 (11). – doi: 10.1371/journal.pgen.1000734.
24. Laurie D.A. Nuclear DNA content in the genera Zea and Sorghum, intergeneric, interspecific and intraspecific variation / D.A. Laurie, M.D. Bennett // Heredity. – 1985. – Vol. 55. – P. 307-313.

## ДОДАТКИ

Таблиця 1

## Характеристика бінів хромосоми 1

Номер біну	Коровий маркер	Координата біну на хромосомі*, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
1.00	-	1	2,039901	2,04
1.01	tub1	2,039901	12,398949	10,36
1.02	umc157(chn)	12,398949	29,258944	16,86
1.03	umc76	29,258944	52,152777	22,90
1.04	asg45(ptk)(chn)	52,152777	82,574898	30,42
1.05	csu3	82,574898	175,642572	93,07
1.06	umc67a	175,642572	198,854443	23,21
1.07	asg62	198,854443	228,254156	29,40
1.08	umc128	228,254156	250,093155	21,84
1.09	cdj2	250,093155	267,860952	17,77
1.10	umc107a(croc)	267,860952	283,188047	15,33
1.11	umc161a	283,188047	297,960525	14,77
1.12	bn16.3	297,960525	301,354135	3,39

\* - в табл. 3 – 12 координати обчислюються від теломери короткого плеча хромосоми

Таблиця 2

## Характеристика бінів хромосоми 2

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
2.00	-	1	1,551442	1,55
2.01	bn18.45a	1,551442	4,187615	2,64
2.02	umc53a	4,187615	15,005045	10,81
2.03	umc6a	15,005045	28,142812	13,14
2.04	umc34	28,142812	71,112564	42,97
2.05	umc131	71,112564	152,505553	81,39
2.06	umc255a	152,505553	186,532782	34,03
2.07	umc5a	186,532782	204,238625	17,71
2.08	asg20	204,238625	222,650703	18,41
2.09	umc49a	222,650703	234,801384	12,15
2.10	php205	234,801384	237,068873	2,267

Таблиця 3

## Характеристика бінів хромосоми 3

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
3.00	-	1	1,729470	1,73
3.01	umc32a	1,729470	3,888321	2,16
3.02	csu32	3,888321	8,598772	4,71
3.03	mus2	8,598772	13,102315	4,50
3.04	asg48	13,102315	126,236346	113,13
3.05	umc102	126,236346	168,366251	42,13
3.06	bn15.37a	168,366251	191,054985	22,69
3.07	bn16.16a	191,054985	205,295157	14,24
3.08	umc17a	205,295157	215,787851	10,49
3.09	umc63a	215,787851	232,074985	16,29
3.10	cup1	232,074985	232,140174	0,065

**Таблиця 4**

**Характеристика бінів хромосоми 4**

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мbp		Довжина біну, Мbp
		початок	закінчення	
4.00	-	1	0,694004	0,69
4.01	rc1	0,694004	5,041255	4,35
4.02	php20725a	5,041255	11,389544	6,35
4.03	umc31a	11,389544	21,583117	10,19
4.04	npi386(eks)	21,583117	32,251206	10,67
4.05	agrr37b	32,251206	151,082840	118,83
4.06	umc156a	151,082840	171,036627	19,95
4.07	umc66a(cr)	171,036627	179,804010	8,77
4.08	umc127c	179,804010	204,960848	25,16
4.09	umc52	204,960848	236,702403	31,74
4.10	php206C	236,702403	239,441083	2,74
4.11	umc169	239,441083	241,473504	2,03

**Таблиця 5**

**Характеристика бінів хромосоми 5**

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мbp		Довжина біну, Мbp
		початок	закінчення	
5.00	-	1	3,323880	3,32
5.01	npi409	3,323880	7,997002	4,67
5.02	umc90	7,997002	14,853619	6,86
5.03	tub4	14,853619	80,804839	65,95
5.04	bn14.36	80,804839	172,395871	91,59
5.05	pco131924a	172,395871	195,305700	22,91
5.06	umc126a	195,305700	204,605587	9,30
5.07	umc108	204,605587	211,726962	7,12
5.08	bn15.24a	211,726962	215,472614	3,75
5.09	php100	215,472614	217,872852	2,40

**Таблиця 6**

**Характеристика бінів хромосоми 6**

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мbp		Довжина біну, Мbp
		початок	закінчення	
6.00	-	1	8,274025	8,27
6.01	umc85a	8,274025	86,783219	78,51
6.02	umc59a	86,783219	96,675368	9,89
6.03	npi393	96,675368	104,450983	7,78
6.04	umc65a	104,450983	120,850613	16,40
6.05	umc21	120,850613	153,762257	32,91
6.06	umc38a	153,762257	161,129826	7,37
6.07	umc132a	161,129826	166,892211	5,76
6.08	asg7a	166,892211	169,174353	2,28

Таблиця 7

## Характеристика бінів хромосоми 7

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
7.00	-	1	4,707470	4,71
7.01	asg8(myb)	4,707470	13,852673	9,15
7.02	asg34a(msd)	13,852673	128,140577	114,29
7.03	asg49	128,140577	156,011630	27,87
7.04	umc254	156,011630	168,294916	12,28
7.05	umc245	168,294916	174,362605	6,07
7.06	umc168	174,362605	176,764762	2,40

Таблиця 8

## Характеристика бінів хромосоми 8

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
8.00	-	1	1,832164	1,832164
8.01	npi220a	1,832164	10,072194	8,24
8.02	bn19.11a(lts)	10,072194	21,148080	11,08
8.03	umc124a(chk)	21,148080	109,164471	88,02
8.04	rip1	109,164471	122,948983	13,78
8.05	rop7	122,948983	146,891660	23,94
8.06	csu31a	146,891660	165,718074	18,83
8.07	npi268a	165,718074	169,784586	4,07
8.08	npi414a	169,784586	173,408409	3,62
8.09	agrr21	173,408409	175,793759	2,39

Таблиця 9

## Характеристика бінів хромосоми 9

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
9.00	-	1	3,312045	3,31
9.01	umc109	3,312045	11,776979	8,46
9.02	bz1	11,776979	23,256783	11,48
9.03	wx1	23,256783	100,740934	77,48
9.04	csu147	100,740934	126,933789	26,19
9.05	umc95	126,933789	136,553558	9,62
9.06	csu634	136,553558	147,983387	11,43
9.07	asg12	147,983387	154,599774	6,62
9.08	csu54b	154,599774	156,750706	2,15

Таблиця 10

## Характеристика бінів хромосоми 10

Номер біну	Коровий маркер	Координата на хромосомі, Мбр		Довжина біну, Мбр
		початок	закінчення	
10.00	-	1	2,647442	2,65
10.01	php20075a (gast)	2,647442	5,005413	2,36
10.02	npi285a(cac)	5,005413	13,554330	8,55
10.03	umc130	13,554330	88,334564	74,78
10.04	umc64a	88,334564	127,936624	39,60
10.05	umc259a	127,936624	137,286408	9,35
10.06	umc44a	137,286408	143,385402	6,10
10.07	bn1749a	143,385402	150,189435	6,80