

УДК 633.15: 631.523:575:

581.19

© 2012

*С.М. Тимчук,**кандидат
біологічних наук**Т.Д. Мовчан**Інститут рослинництва
ім. В.Я. Юр'єва НААН**Д.С. Тимчук**Державна екологічна
академія післядипломної
освіти та управління**В.Є. Барсукова,
кандидат сільсько-
гospодарських наук**Інститут овочівництва
та баштанництва НААН*

Використання біохімічного ефекту ендоспермальних мутацій вважається одним з найрезультативніших методів генетичного поліпшення вуглеводного складу зерна кукурудзи [16, 17]. Нині у цієї культури ідентифіковано понад 20 моногенних ендоспермальних мутацій, які зумовлюють корисні зміни вмісту основних фракцій вуглеводів [9, 15, 21], і їхній ефект активно використовують у практичній селекції [10, 12].

Сучасна селекція цукрової кукурудзи здійснюється за 3-х ендоспермальних мутацій — su_1 , se та sh_2 , кожна з яких призводить до часткової депресії утворення крохмалю і значного збільшення вмісту водорозчинних фракцій вуглеводів [19]. Однак, якщо носії мутацій su_1 та se вирізняються високим умістом і вільних цукрів і водорозчинних полісахаридів [8, 13], то мутантний ген sh_2 активізує накопичення в зерні тільки цукрози і за її вмістом носії цієї мутації перевищують носії мутацій su_1 та se [14, 20].

За результатами спеціальних досліджень установлено, що причиною цього ефекту мутації sh_2 є значне зниження активності ключового ферменту синтезу крохмалю-АДФ-глюкозо-пірофосфорилази [11]. Водночас відомо [6], що в зерні різних носіїв мутації sh_2 вміст основних фракцій вуглеводів варієє від досить широких межах і причиною цієї мінливості деякі автори [7, 18, 22] вважають ефекти полігенніх комплексів, здатних модифікувати біохімічний ефект мутації sh_2 .

Однак аналіз ефектів взаємодії ген : генотип за вуглеводним складом зерна цукрової кукурудзи на основі мутації sh_2 є недостатнім, що й зумовило проведення наших досліджень.

Мета дослідження — проведення генетично-аналізу вуглеводного складу зерна цукрової кукурудзи на основі мутації sh_2 .

Матеріал і методика дослідження. Матеріал

КОМБІНАЦІЙНА ЗДАТНІСТЬ ЛІНІЙ ЦУКРОВОЇ КУКУРУДЗИ НА ОСНОВІ МУТАЦІЇ sh_2

**Визначено, що успадкування вмісту
моносахаридів і цукрози гібридами кукурудзи
на основі мутації sh_2 здійснюється за типом
неповного домінування гіршої батьківської
форми або негативного наддомінування,
а успадкування вмісту водорозчинних
полісахаридів та крохмалю — за типом
позитивного наддомінування. Встановлено
можливості використання взаємодії ген: генотип
для розширення генетичного різноманіття
цукрової кукурудзи.**

для проведення досліджень — 8 не споріднених за походженням ліній — носіїв мутації sh_2 з генетичної колекції Інституту рослинництва ім. В.Я. Юр'єва НААН і серія простих гібридів, отриманих унаслідок діалельних схрещувань цих ліній за другим методом Гріфінга.

Випробування ліній та отриманих на їхній основі гібридів здійснювали протягом 2004—2005 рр. Вирощували лінії та гібриди на фоні монокультури кукурудзи згідно із загальноприйнятою методикою польового експерименту [1] та методикою Національного центру генетичних ресурсів рослин України [3].

Для біохімічного аналізу використовували матеріал тільки від контролюваного запилення. Фракціонування вуглеводів здійснювали згідно зі схемою А.Р. Кизеля [5] і під час виконання досліджень аналізували вміст моносахаридів, цукрози, водорозчинних полісахаридів (ВРП) та крохмалю. Уміст вільних та інвертованих цукрів визначали ферроціанідним методом А.С. Швецьова та Е.Х. Лук'яненко [4]. Результати всіх біохімічних аналізів обчислювали у відсотках до абсолютно сухої речовини.

Отримані результати статистично оброблено методом діалельного та кореляційного аналізу [1, 2].

Результати дослідження. Під час виконання дослідів підтверджено кількисну природу вмісту основних фракцій вуглеводів у зерні носіїв мутації sh_2 . Установлено, що гібриди на основі цієї мутації за вмістом моносахаридів та цукрози поступаються лініям, а за вмістом водорозчинних полісахаридів і крохмалю — переважають їх (табл. 1).

Інbredні лінії — носії мутації sh_2 істотно різняться між собою за ефектами загальної (ЗКЗ) та специфічної (СКЗ) комбінаційної здатності щодо

1. Уміст основних фракцій вуглеводів у стиглому зерні інbredних ліній кукурудзи — носіїв мутації *sh₂* (2004–2005 рр.), % до абсолютної сухої речовини

Ознака	Лінії		Гібриди	
	1*	2	1	2
Уміст:				
моносахаридів	1,85–2,35	2,07±0,04	1,60–2,05	1,81±0,02
цукрози	5,15–5,75	5,46±0,05	5,00–5,60	5,28±0,02
ВРП	0,70–1,00	0,84±0,02	0,75–1,30	1,05±0,02
крохмалю	38,40–42,15	40,23±0,31	40,80–44,60	42,65±0,15

*1 — розмах мінливості (мін.–макс.); 2 — середнє за 2004–2005 рр.

2. Комбінаційна здатність ліній кукурудзи — носіїв мутації *sh₂* та генетичні компоненти дисперсії за вмістом моносахаридів і цукрози в стиглому зерні (2004–2005 рр.)

Лінія	Уміст моносахаридів				Уміст цукрози			
	Ефекти ЗКЗ		Варіанси СКЗ		Ефекти ЗКЗ		Варіанси СКЗ	
	*1	2	1	2	1	2	1	2
SS-386	0,06	-0,02	0,00	0,00	-0,05	-0,03	0,00	0,01
SS-566	0,05	0,07	0,01	0,00	-0,03	0,05	0,01	0,00
SS-388	-0,01	-0,08	0,00	0,01	-0,10	-0,12	0,01	0,02
SS-66	-0,11	0,01	0,00	0,00	-0,12	-0,11	0,00	0,00
SS-42	-0,14	-0,11	0,01	0,00	-0,01	0,00	0,00	0,01
SS-387	0,09	0,08	0,01	0,01	0,12	0,11	0,01	0,01
SS-389	-0,02	-0,01	0,01	0,00	0,10	0,05	0,01	0,01
SS-390	0,07	0,05	0,00	0,01	0,10	0,06	0,01	0,01
HIP _{0,05}	0,04	0,04			0,05	0,04		
H1/D	2,03	1,89			1,12	1,67		
a	-0,01	-0,01			0,01	-0,01		
b	0,96	0,86			0,88	0,94		

* 1 — 2004 р.; 2 — 2005 р. (для табл. 2 і 3).

вмісту в зрілом зерні всіх основних фракцій вуглеводів (табл. 2, 3).

Найвищі ефекти ЗКЗ за вмістом моносахаридів виявили лінії SS-387, SS-390 та SS-566, а за вмістом цукрози — SS-387, SS-390 та SS-389.

3. Комбінаційна здатність ліній кукурудзи — носіїв мутації *sh₂* та генетичні компоненти дисперсії за вмістом водорозчинних полісахаридів і крохмалю в стиглому зерні (2004–2005 рр.)

Лінія	Уміст водорозчинних полісахаридів				Уміст крохмалю			
	Ефекти ЗКЗ		Варіанси СКЗ		Ефекти ЗКЗ		Варіанси СКЗ	
	1	2	1	2	1	2	1	2
SS-386	0,05	0,05	0,02	0,01	0,55	0,54	0,72	0,50
SS-566	0,03	-0,02	0,02	0,01	0,25	-0,11	0,61	0,59
SS-388	0,06	0,04	0,02	0,01	0,55	0,48	0,53	0,33
SS-66	0,10	0,09	0,01	0,01	0,86	0,83	0,38	0,32
SS-42	0,08	0,03	0,01	0,00	0,47	0,24	0,38	0,30
SS-387	-0,11	-0,07	0,00	0,00	-0,92	-0,81	0,39	0,49
SS-389	-0,09	-0,05	0,00	0,00	-0,86	-0,52	0,37	0,38
SS-390	-0,11	-0,07	0,01	0,00	-0,92	-0,67	0,35	0,42
HIP _{0,05}	0,03	0,03			0,23	0,23		
H1/D	30,64	10,99			2,66	2,67		
a	0,01	-0,01			0,26	-0,33		
b	0,14	0,24			0,45	0,78		

валося за типом негативного наддомінування. Успадкування вмісту цукрози в умовах 2004 р. проходило за типом неповного домінування батьківської форми з нижчим рівнем ознаки, а в умовах 2005 р. — за типом негативного наддомінування.

Найвищі ефекти ЗКЗ за вмістом ВРП і крохмалю зареєстровано у ліній SS-66, SS-386, SS-388 та SS-42. У всіх ліній проаналізованої експериментальної сукупності варіанси СКЗ за вмістом ВРП були дуже низькими і мало відмінними, тоді як варіанси СКЗ за вмістом крохмалю були значноюшими і лінії на основі мутації *sh₂* виявили від-

мінності за ними. Найширші варіанси СКЗ за вмістом крохмалю в наших дослідах зареєстровано у ліній SS-386 і SS-566.

Успадкування вмісту і ВРП і крохмалю за обидва роки дослідження відбувалося за типом позитивного наддомінування.

Аналіз генетичних компонентів дисперсії свідчить, що високий уміст вільних цукрів контролюють переважно рецесивні алелі полігенів, а високий вміст крохмалю — домінантні. Навпаки, односпрямованої тенденції до регуляції високо-го або низького вмісту ВРП полігенами одного алельного стану в дослідах не зареєстровано.

Висновки

Підтверджено кількісну природу вмісту основних фракцій вуглеводів у зерні носіїв мутації *sh₂*. Визначено, що успадкування вмісту моносахаридів і цукрози гібридами кукурудзи на основі цієї мутації здійснюється за типом неповного домінування батьківської форми з нижчим

рівнем ознаки або негативного наддомінування, а успадкування вмісту ВРП і крохмалю — за типом позитивного наддомінування. Встановлено можливості використання взаємодій генів: генотип для розширення генетичного різноманіття цукрової кукурудзи.

Бібліографія

1. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта. — М.: Агропромиздат, 1985. — 351 с.
2. Литун П.П., Проскурнин Н.В. Генетика количественных признаков. Генетические скрещивания и генетический анализ. — К.: УМК ВО, 1992. — 96 с.
3. Методичні рекомендації польового та лабораторного вивчення генетичних ресурсів кукурудзи/ підгот. І.А.Гур'єва, В.К.Рябчун, П.П. Літун та ін. — Харків, 2003. — 43 с.
4. Методы биохимического исследования растений/под ред. А.И. Ермакова. — Л.: Агропромиздат, 1987. — 430 с.
5. Плещков Б.П. Практикум по биохимии растений. — М.: Колос, 1976. — 255 с.
6. Azanza F., Bar-Zur A., Juvic J.A. Variation in sweet corn kernel characteristics associated with stand establishment and eating quality//Euphytica. — 1996. — V. 87. — P. 7–18.
7. Azanza F., Tadmor Y., Klien B.P., Rocheford T.R., Juvic J.A. Quantitative trait loci influencing chemical and sensory characteristics of eating quality in sweet corn //Genome. — 1996. — V. 39. — P. 40–50.
8. Carey E.E., Dickinson D.B., Rhodes A.M. Sugar characteristics of sweet corn populations from a sugary enhancer breeding programmes//Euphytica. — 1984. — V. 33. — P. 609–622.
9. Coe E., Polacco M. Maize gene list and working maps//Maize Genet. Newslett. — 1994. — V. 68. — P. 156–191.
10. Dumanovic J., Pajic Z. Specificni tipovi kukuruza.— Beograd — Zemun: Institut za kukuruz «Zemun Polje», 1998. — 207 s.
11. Giroux M.J., Hannah L.C. ADP-glucose pyrophosphorylase in shrunken2 and brittle2 mutants of maize//Mol. Gen. Genet. — 1994. — V. 243. — P. 400–408.
12. Hallauer A.R. Specialty corns. — Boca Raton, Fl.: CRC Press, 2001. — 479 p.
13. James M.G., Robertson D.S., Myers A.M. Characterization of the maize gene *sugary1*, a determinant of starch composition in kernels//Plant Cell. — 1995. — V. 7. — P. 417–429.
14. Nelson O.E., Pan D. Starch synthesis in maize endosperm//Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. — 1995. — V. 46. — P. 475–496.
15. Neuffer M.G., Coe E., Wessler S.R. Mutants of maize. — Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1997. — 468 p.
16. Pollak L.M., Scott M.P. Breeding for grain quality traits/Maydica. — 1995. — V. 50. — P. 247–257.
17. Sachs M.M. Maize mutants: resources and research//Maydica. — 2005. — V. 50. — P. 305–309.
18. Threvenot C., Simond-Coste E., Reyss A., Maniacchi D., Trouverie J., Le Guilloux M., Ginhoux V., Sidicina F., Prioul J.P. QTLs for enzyme activities and soluble carbohydrates involved in starch accumulation during grain filling in maize//J. Exp. Bot. — 2005. — V. 56. — P. 945–958.
19. Tracy W.F. Sweet corn, Zea mays L./Genetic improvement of vegetable crops; E. Kalloo, B.O. Bergh Eds. — Oxford, UK: Pergamon Press, 1993. — P. 777–807.
20. Tracy W.F. History, breeding, and genetics of super-sweet corn//Plant Breeding Reviews. — 1997. — V. 14. — P. 189–236.
21. Whitt S.R., Wilson L.M., Tenaillon M.I., Gaut B.S., Buckler E.S. Genetic diversity and selection in the maize pathway//Proc. Natl. Acad. Sci. USA. — 2002. — V. 99. — P. 12959–12962.
22. Yousef G.G., Juvic J.A. Comparison of phenotypic and marker-assisted selection for quantitative traits in sweet corn//Crop Sci. — 2001. — V. 41. — P. 645–655.