

Г Е Н Е Т И К А

УДК 633.15 : 631.523

Тимчук Д.С.: <http://orcid.org/0000-0002-6523-9966>

Потапенко Г.С.: <http://orcid.org/0000-0003-2250-1642>

Тимчук Н.Ф.: <http://orcid.org/0000-0002-4198-8372>

ГЕНЕТИЧНЕ РІЗНОМАНІТТЯ КУКУРУДЗИ І СУЧАСНІ ПІДХОДИ ДО ЙОГО СИСТЕМАТИЗАЦІЇ

© Тимчук Д.С.¹, Потапенко Г.С.², Тимчук Н.Ф.³

1. Харківський інститут медицини та біомедичних наук ПВНЗ «Київський медичний
університет», м.Харків

2. Харківський національний педагогічний університет ім. Г.С.Сковороди

3. Харківський національний медичний університет

dstymchuk@yahoo.com

galyna.kharkow@gmail.com

tym1952@ukr.net

<https://doi.org/10.34142/23122218.2019.21.05>

В статті розглянуті можливості вдосконалення системи класифікації кукурудзи. Показано, що існуюча класифікація кукурудзи не забезпечує можливості систематизації сучасного генетичного різноманіття цієї культури, яке протягом останнього часу значно розширилося завдяки зростанню попиту на спеціалізовані форми кукурудзи. В результаті ряд об'єктивно існуючих та активно використовуваних практично цінних форм не вкладається в рамки існуючої класифікації і, як наслідок, полишений ботанічного статусу.

Обґрунтовано доцільність використання з цією метою фенотипового ефекту мутантних генів структури ендосперму. Оскільки критеріями розподілу кукурудзи на підвиди визначаються певні особливості фізичної структури ендосперму зерна, які обумовлені специфікою його біохімічного складу, проаналізовано вплив мутацій ендосперму o_2 , sh_1 , sh_2 , su_1 , se , su_2 , ae та wx на особливості фенотипу, структуру ендосперму та біохімічний склад зерна кукурудзи, а саме: вміст і фракційний склад білку, вміст основних фракцій вуглеводів, вміст та жирнокислотний склад олії в біологічно стиглому зерні. Для досліджень було використано по 5 ліній на основі кожної мутації. Виявлений суттєвий специфічний вплив на дані показники, відмінний від звичайної кукурудзи та від мутантів su_1 та wx , які включено до існуючої класифікації кукурудзи і які мають в ній статус підвидів.

Запропоновано додаткове введення до класифікаційної системи кукурудзи ендоспермових мутантів o_2 , sh_1 , sh_2 , su_2 та ae як окремих підвидів, оскільки сукупність морфологічних і біохімічних ознак носіїв даних мутацій цілком відповідає вимогам, які висуваються до класифікаційних ознак цієї культури. Офіційне визнання нових таксономічних груп сприятиме об'єктивізації узагальнення сучасного генетичного різноманіття кукурудзи і надасть можливість надійної стандартизованої оцінки представників цих груп кукурудзи як сировини для використання в кормовиробництві, харчовій, фармацевтичній та технічних галузях промисловості.

Такий підхід до проблеми застосовано вперше, і національних та закордонних аналогів не має.

Ключові слова: кукурудза, класифікація генетичного різноманіття, підвиди, ендоспермові мутанти, фенотип зерна, біохімічний склад зерна.

Кукурудза (*Zea mays* L.) серед культурних рослин є одним з найбільш поліморфних за основними ознаками та властивостями видом. Згідно найбільш поширеної класифікації генетичне різноманіття кукурудзи узагальнюється в межах 7

підвидів та 83 різновидів [6]. Критеріями розподілу кукурудзи на підвиди визнаються особливості фізичної структури ендосперму зерна, а саме, співвідношення та взаємне розташування роговидного та борошнистого шарів. Відмінності

пакування крохмальних гранул в цих шарах, у свою чергу, обумовлюють чіткі відмінності їх зовнішнього вигляду навіть при візуальній оцінці зерна без залучення спеціальних оптичних приладів. Система розподілу кукурудзи на підвиди за цими ознаками генетично цілком обґрунтована, бо схрещування між формами, що належать до одного підвиду, призводить до отримання гібридів з такою ж сукупністю морфологічних ознак. Критеріями розподілу на різновиди є забарвлення зерна та стрижня качана [6].

Основні переваги такої класифікації полягають у використанні для таксономізації культури простих візуально діагностованих ознак, наявності широкого розмаху їх мінливості і можливості об'єднання всього різноманіття культури до обмеженої кількості груп.

Останнім часом генетичне різноманіття кукурудзи, особливо створене в третинних центрах походження, значно поширилося. Різко зріс ринковий попит на окремі типи кукурудзи спеціального призначення, наприклад, високолізинову, надцукрову, восковидну та високоамілозну [9, 16, 20]. Це визначає напрямки роботи селекційно-генетичних установ щодо розширення генетичного різноманіття саме цих, а не інших груп кукурудзи. Однак ці об'єктивно існуючі і активно використовувані форми просто не вкладаються в рамки існуючої класифікації і, як наслідок, позбавлені ботанічного статусу.

Тому для вдосконалення існуючої класифікації кукурудзи виникає необхідність розробки такої

системи, в якій визначальні ознаки таксонів мали б спадкову природу, бажано моногенну, а фенотипи, утворювані однотипними алелями одного локусу, були контрастними. Реальні можливості розробки такої класифікації створює використання для таксономізації кукурудзи ефекту мутантних генів структури ендосперму. Серед визнаних на даний час підвидів у чотирьох з них – зубовидної, кременистої, крохмалистої і розлусної кукурудзи морфологічні особливості зерна забезпечуються ефектами полігенних комплексів, а у трьох підвидів – цукрової, восковидної та плівчастої кукурудзи – ефектами моногенних мутацій, відповідно *su₁*, *wx* та *Tu* [6,7]. Відомо, що регуляція структури зерна моногенними мутаціями кукурудзи не обмежується мутаціями *su₁* та *wx*, хоча носії тільки цих мутацій включено до існуючої класифікації кукурудзи і мають у ній статус підвидів [6]. Однак специфічний ефект змінення фізичної структури зерна згідно сучасних уявлень викликають понад 20 моногенних мутацій, причому у більшості з них цей ефект супроводжується корисними змінами біохімічного складу зерна та активно використовується в практичній діяльності людини [8, 12, 15].

Метою досліджень була розробка нових підходів до систематизації сучасного генетичного різноманіття кукурудзи.

МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ ДОСЛІДЖЕНЬ

Матеріалом для досліджень послуговували типові представники

різних підвидів кукурудзи, а також серія інбредних ліній кукурудзи – носіїв мутацій кукурудзи *o₂*, *sh₁*, *sh₂*, *su₁*, *se*, *su₂*, *ae* та *wx*, які викликають найбільш суттєвий ефект за біохімічним складом зерна [2]. Для дослідів було використано по 5 ліній на основі кожної мутації. Контролем у дослідях були 5 ліній кукурудзи традиційного типу. Матеріал для досліджень було отримано з генетичної колекції Національного центру генетичних ресурсів рослин України.

Аналіз фенотипів зерна ліній – носіїв ендоспермових мутацій здійснювали шляхом візуальної оцінки з лупою при п'ятиразовому збільшенні.

Вміст білку в зерні визначали методом К'ельдаля, фракційний склад білка - шляхом екстракції білкових фракцій 1М KCl, 82% етанолом та 0,2% NaOH та наступним визначенням азоту за К'ельдалем, лізину та триптофану в білку - колориметричними методами Сисоева та Єрмакова і Ярош,

крохмалю - поляриметричним методом Еверса, вміст амілози в крохмалі – колориметричним методом Джуліано [3]. Фракціонування вуглеводів насіння проводили шляхом послідовної екстракції 82% етанолом та дистильованою водою за схемою Кизеля [4], а вміст природних та інвертованих цукрів визначали ферроціанідним методом Швецова та Лук'яненко [3]. Вміст олії в зерні визначався методом Рушковського[3], жирнокислотний склад олії – газо-хроматографічним методом Пейскера[5].

Статистичну обробку отриманих результатів проводили методом дисперсійного аналізу [1].

РЕЗУЛЬТАТИ

Проаналізовано вплив мутацій ендосперму *o₂*, *sh₁*, *sh₂*, *su₁*, *se*, *su₂*, *ae* та *wx* на особливості фенотипу та структуру ендосперму зерна кукурудзи. Опис визначальних морфологічних ознак мутантного зерна наданий в таблиці 1.

Таблиця 1

Морфологічні ознаки зерна ендоспермових мутантів кукурудзи

Мутація	Зовнішній вигляд та структура насіння	Прозорість насіння
<i>o₂</i>	гладеньке, з округлою або зубоподібною верхівкою, ендосперм борошнистий	непрозоре
<i>su₁</i>	сильно зморшкувате, злегка здавлене на верхівці та з боків, ендосперм рогоподібний	скловидне
<i>se</i>	сильно зморшкувате, злегка здавлене на верхівці та з боків, ендосперм рогоподібний	скловидне
<i>su₂</i>	слабкозморшкувате, з округлою або зубоподібною впадиною на верхівці, ендосперм рогоподібний, з невеликою ділянкою борошнистого шару в центральній частині	скловидне
<i>sh₁</i>	гладеньке, з плоскою або чашоподібною западиною на верхівці, здавлене з боків, з боковим розташуванням рогоподібних шарів	прозоре з боків, непрозоре в центральній частині

<i>sh₂</i>	дуже сильно зморшкувате, сильно здавлене на верхівці та з боків, ендосперм борошністий	скловидне або непрозоре
<i>wx</i>	гладеньке, з округлою або зубоподібною верхівкою, ендосперм борошністий, з периферійним розташуванням рогоподібних шарів, зовнішньо нагадує віск	непрозоре
<i>ae</i>	ледь помітна зморшкуватість ендосперму, з чашоподібною западиною на верхівці, з боковим розташуванням рогоподібних шарів ендосперму	непрозоре з боків та прозоре в центральній частині

Оскільки зміна структури ендосперму у ендоспермових мутантів виникає внаслідок змінень біохімічного складу зерна [21], було та-

кож досліджено вплив даних мутацій на вміст основних сполук ендосперму (табл. 2, 3, 4).

Таблиця 2

Вміст і фракційний склад білку та вміст основних незамінних амінокислот в білку біологічно стиглого зерна ліній – носіїв ендоспермових мутацій кукурудзи (середнє за оцінками 5 ліній кожного типу – результати лабораторії генетики та біотехнології ІР НААН)

Типи ліній	Білку в зерні, %	Вміст фракцій азотистих сполук, % до суми				Вміст незамінних амінокислот в білку, %	
		небілкових сполук	альбуминів і глобулінів	проламінів	глютеїнів	лізину	триптофану
Звичайний тип	10.7	9.4	15.5	48.7	26.4	2.4	0.4
<i>o₂</i>	10.5	15.1	29.2	24.2	31.5	4.4	0.8
<i>sh₁</i>	11.4	11.9	16.2	37.0	34.9	2.6	0.5
<i>sh₂</i>	15.3	12.7	22.5	32.3	32.5	3.5	0.6
<i>su₁</i>	13.1	12.3	20.9	35.1	31.7	2.8	0.7
<i>se</i>	13.8	12.5	21.7	34.3	34.3	3.3	0.7
<i>su₂</i>	12.3	12.1	18.9	38.8	30.2	3.0	0.6
<i>ae</i>	13.1	11.2	16.9	43.8	28.1	3.1	0.6
<i>wx</i>	10.9	10.1	16.7	45.4	27.8	2.4	0.5
НІР _{0,95}	0.2	0.5	0.7	1.2	0.9	0.1	0.1

Таблиця 3

Вміст основних фракцій вуглеводів у біологічно стиглому зерні ліній – носіїв ендоспермових мутацій кукурудзи (середнє за оцінками 5 ліній кожного типу – результати лабораторії генетики та біотехнології ІР НААН)

Типи ліній	Вміст, % до абсолютно сухої речовини				
	відновних цукрів	сахарози	водорозчинних полісахаридів	крохмалю	амілози в крохмалі
Звичайний тип	0.5	2.0	1.0	65.4	26.1
<i>o₂</i>	0.5	2.1	1.0	64,1	25.9

<i>sh₁</i>	0.6	2.3	1.1	58.1	27.4
<i>sh₂</i>	1.7	4.7	0.7	39.5	31.5
<i>su₁</i>	1.3	3.4	24.1	37.1	32.3
<i>se</i>	1.5	4.1	23.4	36.6	33.1
<i>su₂</i>	0.8	2.6	1.4	57.4	39.2
<i>ae</i>	0.9	2.7	1.2	55.1	60.6
<i>wx</i>	0.5	2.1	2.6	64.6	0.8
НІР _{0,95}	0.1	0.2	0.6	1.1	0.3

Таблиця 4

Вміст та жирнокислотний склад олії в біологічно стиглому зерні ліній –носіїв ендоспермових мутацій кукурудзи (середнє за оцінками 5 ліній кожного типу – результати лабораторії генетики та біотехнології ІР НААН)

Типи ліній	Вміст олії в зерні, %	Вміст гліцеридів жирних кислот, % до суми				
		пальми-тинової	стеари-нової	олеїно-вої	лино-левої	линоле-нової
Звичайний тип	4.6	12.1	1.5	25.3	60.9	0.2
<i>o₂</i>	4.9	12.7	1.6	25.6	59.7	0.4
<i>sh₁</i>	5.1	11.8	1.4	28.1	58.4	0.3
<i>sh₂</i>	13.8	13.3	1.8	38.6	46.2	0.1
<i>su₁</i>	8.4	13.5	2.1	43.1	41.2	0.1
<i>se</i>	8.9	12.9	2.0	41.6	43.4	0.1
<i>su₂</i>	5.2	11.6	1.6	28.4	58.2	0.2
<i>ae</i>	5.0	12.2	1.8	27.1	58.6	0.3
<i>wx</i>	4.8	11.7	1.4	27.5	59.0	0.4
НІР _{0,95}	0.3	0.6	0.2	1.2	1.6	0.1

За результатами досліджень ендоспермові мутації за структурою та біохімічним складом зерна мають якісні відмінності між собою та від кукурудзи звичайного типу. Це створює передумови для виділення носіїв даних мутацій в окремі таксономічні групи кукурудзи, оскільки сукупність морфологічних і біохімічних ознак моногенних ендоспермових мутантів кукурудзи цілком відповідає вимогам, які висуваються до класифікаційних ознак цієї культури, тим більше, що носії двох мутацій – *su₁* та *wx* вже в рамках існуючої класифікації виділяються в окремі таксони [6].

ОБГОВОРЕННЯ

Ефекти кожної ендоспермової мутації, що досліджувались, дуже специфічні. Носії мутації *o₂* мають борошністу консистенцію ендосперму і в рамках існуючої класифікації вони невідмінні від крохмалистої кукурудзи, хоча генетична основа утворення виключно борошністого ендосперму у них зовсім різна. У крохмалистої кукурудзи цей процес регулюється полігенним комплексом, а у носіїв мутації *o₂* – рецесивними алелями одного локусу, який розташовано в сьомій хромосомі [7]. Тому при схрещуваннях джерел мутації *o₂* з крохмалистою кукурудзою зерно гібридів F₂

розщеплюється на борошнисте і роговидне. Таким чином, незважаючи на тотожний фенотип зерна, крохмалиста кукурудза і носії мутації o_2 є генетично відмінними формами кукурудзи, але, якщо крохмалиста кукурудза визнається підвидом, то мутанти o_2 в рамках існуючої класифікації ботанічного статусу взагалі не мають.

Біохімічний ефект мутації sh_1 полягає в пригніченні активності сахарозосинтази [14], тому кукурудза цього типу вирізняється зниженим вмістом крохмалю без значної зміни вмісту водорозчинних вуглеводів і фракційного складу крохмалю, однак морфотип зерна носіїв мутації sh_1 відмінний від всіх інших підвидів і мутантів і, хоча взаємне розташування борошнистого і роговидного шарів ендосперму у них подібне до зубовидної кукурудзи, зовнішній вигляд зерна мутантів sh_1 візуально відмінний від форм цього підвиду, бо западина на верхівці зерна, на відміну від зубовидної кукурудзи, сплюснена або чашо-подібна, а зерно носіїв мутації sh_1 здавлене на поверхні. Обидві ці візуальні особливості не надають можливості відносити мутантів sh_1 до підвиду зубовидної кукурудзи, тому вони повинні розглядатися як окрема таксономічна група.

Представники підвиду цукрової кукурудзи в існуючій ботанічній класифікації водночас є моногенними мутантами su_1 [6, 7], що свідчить про генетичну ізоляцію цього підвиду від інших підвидів кукурудзи. Рецесивні алелі локусу su_1 викликають утворення суттєво відмінного від інших підвидів куку-

рудзи фенотипу зерна та змінюють його біохімічний склад, зокрема, різко знижують вміст крохмалю і підвищують вміст водо-розчинних фракцій вуглеводів. Однак визначення «цукрова куку-рудза» і «мутанти su_1 » нетотожні. Відомо п'ять неалельних рецесивних мутацій (su_1 , se , bt_1 , bt_2 , та sh_2), які викликають ефект значного підвищення вмісту цукрів [20]. І, якщо на момент розробки існуючої класифікації генетичне різноманіття цукрової кукурудзи практично повністю було представлено носіями мутації su_1 , то сучасні сорти і гібриди цукрової кукурудзи є, як правило, носіями ще й мутацій se або sh_2 , тоді як мутації bt_1 та bt_2 через викликану ними сильну депресію маси зерна в селекції використовуються дуже незначно.

За біохімічним ефектом мутація se відрізняється від мутації su_1 за значно вищим вмістом сахарози в зерні технічної стиглості [17], однак в суто генетичному відношенні мутантний ген se є рецесивним модифікатором гену su_1 і проявляє свій ефект лише в його присутності [21], тому фенотипи зерна мутантів su_1 та se візуально тотожні і відрізнити їх можна лише шляхом біохімічного аналізу або за допомогою молекулярних маркерів.

На відміну від мутації se , мутація sh_2 чітко відрізняється від мутації su_1 за фенотипом зерна. Носії цих мутацій дуже відмінні між собою і за біохімічним складом зерна. І, якщо у мутантів su_1 зерно технічної стиглості містить на абсолютно суху речовину 15-18% сахарози і 22-25% ВРП, то вміст ВРП у мутантів sh_2

складає лише 3-4%, а вміст цукрози досягає 35-37% [11, 14]. Саме через високий вміст сахарози мутанти *sh₂* займають домінуюче положення на сучасному ринку цукрової кукурудзи, однак у рамках існуючої класифікації кукурудзи вони досі не мають ботанічного статусу, хоча і в генетичному, і в біохімічному відношенні явно відмінні від носіїв мутації *su₁*.

Наведене вище в рівному ступені стосується і високоамілозної кукурудзи, яка є важливим і постійно прогресуючим за обсягами виробництва та споживання сировинним джерелом крохмалів харчового і технічного призначення [2]. Жоден з підвидів кукурудзи, навіть з урахуванням індивідуальної мінливості за вмістом амілози в крохмалі, не утворює високоамілозних крохмалів, і цей феномен властивий тільки ендоспермовим мутаціям [19]. Відомо принаймні три мутації, які забезпечують суттєве підвищення вмісту амілози в крохмалі – *du* (до 33-35%), *su₂* – до 40-42% і *ae* – до 60-62% [8,13]. Серед них мутація *du* має найбільш низький вміст амілози в крохмалі, тому практичної уваги серед високоамілозних мутацій заслуговують лише *su₂* та *ae*, носії яких суттєво відмінні між собою та від звичайної кукурудзи не тільки за вмістом амілози в крохмалі і його технологічними властивостями [9, 18], але й за схильністю до аміолітичного розпаду.

Обидві ці високоамілозні мутації за зовнішньою структурою зерна і взаємним розташуванням борошнистого і роговидного шарів ендосперму близькі до зубовидної куку-

рудзи, однак відрізняються від неї більшою часткою роговидного шару в ендоспермі і слабкою зморшкуватістю усієї поверхні зерна. Проте носії мутацій *su₂* та *ae*, які мають всі ознаки генетичної і біохімічної ізоляції від кукурудзи звичайного типу, в рамках існуючої класифікації відносяться до зубо-видного підвиду, бо не виділені в окремий таксон або окремі таксони. Помилковим слід визнати і висновок, що цукрова кукурудза виникла в результаті мутування у зубовидних та кременистих сортів локусів *su₁* та *su₂*, рецесивні алелі яких підвищують вміст декстринів в зерні [6]. Це положення є вірним лише для мутації *su₁*, але не для мутації *su₂*, яка підвищує вміст не декстринів, а амілози в крохмалі, і яку з цієї причини не можна віднести до мутацій цукрової кукурудзи. Ці дані свідчать, що високоамілозна кукурудза потребує виділення в окремий або окремі таксони, чого до цього часу не було зроблено.

І лише один підвид – восковидна кукурудза, яка водночас є моногенним мутантом *wx*, за своїм ботанічним статусом ніяких непорозумінь і суперечливостей не викликає.

На відміну від вмісту та складу білків і вуглеводів, вміст і склад олії у кукурудзи ендоспермовими мутаціями безпосередньо не контролюється, хоча відмінності між різними мутантами за цими ознаками існують. Тому ані вміст, ані жирнокислотний склад олії не можуть бути визнані факторами, які визначають структуру зерна кукурудзи і тому навряд чи можуть використовуватися при її систематизації.

Таким чином, специфічний ефект ендоспермових мутацій за фенотипом зерна, вмістом і складом білків та вуглеводів може бути з успіхом використано при розробці вдосконаленої класифікації кукурудзи.

Офіційне визнання нових таксономічних груп сприятиме об'єктивізації узагальнення сучасного генетичного різноманіття кукурудзи і надасть можливість надійної стандартизованої оцінки представників цих груп кукурудзи як сировини для використання в кормовиробництві, харчовій, фармацевтичній та технічних галузях промисловості.

ВИСНОВКИ

1. Існуюча класифікація кукурудзи не забезпечує можливості систематизації сучасного генетичного різноманіття культури, яке протягом останнього часу значно розширилося, і ряд об'єктивно існуючих та активно використовуваних практично цінних форм не вкладається в рамки існуючої класифікації і, як наслідок, полишений ботанічного статусу.

2. Доцільно використання у таксономії кукурудзи фенотипового ефекту моногенних мутацій структури ендосперму, який є специфічним для кожної мутації та визначається його біохімічним складом.

3. Необхідно додаткове введення до класифікаційної системи ендоспермових мутантів *o2*, *sh1*, *sh2*, *su2* та *ae* як окремих підвидів, оскільки фенотипові та біохімічні ефекти кожного з цих мутантів відмінні від ефектів існуючих підвидів, а за класифікаційним статусом зазначені

ендоспермові мутанти не відрізняються від мутантів *su1* та *wx*.

Список використаних джерел

1. Dospehov B.A. (1985) Methodology of the field experiment. Moscow: Agropromizdat.
2. Catalogue of the maize samples of the National center of the plants genetical resources of Ukraine (biochemical seed content)/[prepared I. A.Hur`eva, V. K.Riabchun, I.A.Panchenko and others].(2001) Kharkov.
3. Ermakov A.I., editor. (1987) Methods of the plants' biochemical research. Leningrad: Agropromizdat.
4. Pleshkov B.P. (1976) Plants' biochemistry tutorial. Moscow: Colos.
5. Prohorova M.I. (1982) Biochemical researches' methods. Leningrad: Chemistry.
6. Shmaraev G.E. (1975) Maize (phylogeny, classification, selection) Moscow:Colos.
7. Coe E. (1994) Maize gene list and working maps. Maize Genet.Newslett 68: 156-191.
8. Dumanovic J. (1998) Specific nitipovi kukuruza. Beograd-Zemun:Institutzakukuruz "ZemunPolje".
9. Fergason V. (2001) High amylose and waxy corns.Specialty Corns; A. Hallauer Ed.Boca Raton, Fl. London - New York - Washington, D.C. :CRC Press: 71 - 92.
10. Garcia-Lara S., Chuk-Fernandez C., Serna-Saldivar S.O. (2018) Development and Structure of Corn Kernel. Corn: Chemistry and Technology, 3rd Ed.; S.O.Serna-Saldivar Ed., Duxford, UK : Woodhead Publ: 147-164
11. Jha S. K., Singh N. K. and Agrawal P. K. (2016) Complementation of sweet corn mutants: a method for grouping sweet corn genotypes. J. Genet 95: 183-187
12. Motto M., Balconi C, Hartings H., Rossi V . (2010) Gene discovery for improvement of kernel quality – related traits in maize. Genetica. 142: 23 - 56.
13. Miller J.Be, Whistler R. Eds. (2009) Starch chemistry and technology.Amsterdam – Boston – Heidelberg – London - New York – Oxford – Paris – San –Diego – San Francisco – Singapore : Acad. Press, Elsevier Publ.
14. Nelson O.E. (1995) Starch synthesis in maize endosperm. Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol 46: 475-496.
15. Pollak L.M. (1995) Breeding for grain quality traits.Maydica. 50: 247-257
16. Prasanna B.M., VasalS.K.,Kassahun B., Singh N.N. (2001). Quality protein maize. Curr.Sci. 81: 1308 – 1319.
- 17.Schultz J. A. (2004) Current models of starch synthesis and the sugary enhancer1mutation in *Zea mays* L.Plant Physiol.Biochem. 42: 456-464.
18. Wang Y.-J. (1992) Thermal and gelling properties of maize mutants from the Oh43 inbred line. Cereal Chem. 69: 328-334.
19. White P.J. (2001) Properties of corn starch. Specialty Corns; A. Hallauer Ed. – Boca Raton, Fl.- London - New York - Washington, D.C. CRC Press: 41 – 70.

20. Yu X., Yu H., Zhang J., Shao S., Xiong F., Wang Z. (2015) Endosperm structure and physicochemical properties of starches from normal, waxy and super-sweet maize. – Int. J. Food Propert. 18: 2825-2839.

21. Zhang X., von Mogel K.J.H., Lor V.S., Hirsch C.N. De Vries B.D., Kaeppler H.F., Tracy W.F., Kaeppler S.M. (2019) Maize sugary enhancer1 (se1) is a gene affecting endosperm starch metabolism. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 116: 20776 – 20785.

UDC 633.15 : 631.523

GENETIC DIVERSITY OF MAIZE AND MODERN APPROACHES TO ITS SYSTEMATIZATION

Tymchuk D.S., Potapenko G.S., Tymchuk N.F.

The article discusses the possibilities of improving the corn grading system. It has been shown that the existing classification of maize does not provide an opportunity to systematize the modern genetic diversity of this crop, which has expanded significantly in recent times due to increasing demand for specialized forms of maize. As a result, a number of objectively existing and actively practically used valuable forms do not fit within the existing classification and consequently deprived of botanical status.

The expediency of using for this purpose of the phenotypic effect of mutant genes of the endosperm structure is substantiated. Since the criteria for the distribution of maize into subspecies is determined by certain features of the physical structure of the endosperm of the grain, which are due to the specificity of its biochemical composition, the effect of mutations of endosperm o_2 , sh_1 , sh_2 , su_1 , se , su_2 , ae and wx on the peculiarities of the phenotype, structure of the endosperm and the structure of endo-sperm maize, namely: the content and fractional composition of the protein, the content of the basic fractions of carbohydrates, the content and fatty acid composition of the oil in biologically ripe grain was analyzed. For the study, 5 lines were used based on each mutation. Significant specific effects on these indicators other than ordinary maize and the su_1 and wx mutants included in the existing maize classification and having subspecies status have been identified.

An additional insertion to the corn classification system of endosperm mutants o_2 , sh_1 , sh_2 , su_2 and ae as separate subspecies is proposed, since the totality of the morphological and biochemical characteristics of the carriers of these mutations fully complies with the requirements for the classification characteristics of this culture. The official recognition of new taxonomic groups will help to objectify the generalization of modern genetic diversity of corn and will allow reliable standardized evaluation of representatives of these groups of maize, as a raw materials for use in the feed production, food, pharmaceutical and technical branches of industry.

This approach is applied for the first time and has no national or foreign analogues.

Keywords: maize, classification of genetic diversity, subspecies, endosperm mutants, kernel phenotype, biochemical composition of grain.