

ЗАДОРОВНА О. А. 
БЕЗУГЛА О. М. 

Інститут рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН,
Україна, 61060, м. Харків, просп. Героїв Харкова, 142
 olzador@ukr.net

ПРОБЛЕМИ ТА ПЕРСПЕКТИВИ СТВОРЕННЯ ГЕНЕТИЧНИХ КОЛЕКЦІЙ ЗЕРНОБОБОВИХ КУЛЬТУР

Мета. З'ясувати стан генетичних колекцій зернобобових у Національному центрі генетичних ресурсів рослин України і обговорити підходи для формування нових генетичних колекцій для перспективних напрямів селекції зернобобових. **Методи.** Аналіз стану генетичних колекцій проводився за допомогою візуального аналізу й аналізу літературних джерел. **Результати.** Проаналізовано створені колекції гороху посівного (*Pisum sativum* L.), квасолі звичайної (*Phaseolus vulgaris* L.), нуту звичайного (*Cicer arietinum* L.), сої культурної (*Glycine max* (L.) Merr.) і сочевиці харчової (*Lens culinaris* Medik). Визначено частку генетичних колекцій та їх склад. Сучасні генетичні колекції зернобобових культур, що зареєстровані у Національному центрі генетичних ресурсів рослин України сформовані переважно на основі генів, що кодують морфологічні ознаки. Визначено перспективність молекулярних методів досліджень, зокрема ідентифікацію окремих генів та картування QTL. **Висновки.** У сучасному науковому просторі є перспективним визначення полігенів, що контролюють стійкість до хвороб, вмісту білка, олії і рівень їх експресії в умовах зміни клімату.

Ключові слова: генетичні ресурси, колекції, зернобобові, стійкість, білок.

Для оптимізації селекції зернобобових культур доцільне створення різноманітних колекцій вихідного матеріалу. Загальна кількість зразків зернобобових культур у Національному центрі генетичних ресурсів рослин України (НЦГРРУ) складає понад 20000 зразків і посідає друге місце серед загальної кількості. Відбувається створення та реєстрація колекцій генетич-

ної різноманітності культурних рослин, серед яких загальна кількість колекцій зернобобових посідає третє місце і складає 13% від загальної кількості (рис.). Зараз у НЦГРРУ зареєстровано 360 колекцій, що включають зернові колосові (18%), плодові, ягідні та горіхоплідні (17%), зернобобові (13%), круп'яні (10%), технічні (9%), кормові (9%), кукурудзу (8%), олійні (6%), овочеві та баштанні культури (6%), картоплю (2%), лікарські (2%), декоративні (2%). Згідно з Положенням про Реєстрацію колекцій (Regulations on registration..., Zadorozhna, 2025) розрізняють базові, серцевинні, ознакові, генетичні, спеціальні, робочі, навчальні та дублетні колекції. Генетичні колекції містять зразки з ідентифікованими генами або генними комплексами, прояв і успадкування яких відомі.

У НЦГРРУ створені колекції гороху посівного (*Pisum sativum* L.), квасолі звичайної (*Phaseolus vulgaris* L.), нуту звичайного (*Cicer arietinum* L.), сої культурної (*Glycine max* (L.) Merr.) і сочевиці харчової (*Lens culinaris* Medik). Загалом у НЦГРРУ зареєстровано 45 колекцій зернобобових, серед яких генетичні наявні лише для гороху і квасолі та становлять лише 4%.

Метою даної роботи було з'ясувати стан генетичних колекцій зернобобових у НЦГРРУ та обговорити перспективні підходи для формування нових генетичних колекцій для перспективних напрямів селекції зернобобових.

Матеріали і методи

Аналіз стану генетичних колекцій проводився за допомогою візуального аналізу й аналізу літературних джерел. Визначено перспективність молекулярних методів досліджень, включаючи ідентифікацію окремих генів та картування QTL.



© 2026 Задорожна О. А., Безугла О. М. This work is licensed under CC BY 4.0. To view a copy of this license, visit <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Рис. Колекції різних груп культур, зареєстровані в НЦГРУ.

Результати та обговорення

Зареєстрована генетична колекція гороху посівного (*P. sativum*), яка містить 221 зразки, що походять з 26 країн. Зразки подані одним видом і згруповані за 23 ознаками: забарвлення рослини, наявність антоціану, група стиглості, довжина меживузля, тип росту, наявність фасціації, тип листка, тип прилистника, наявність воскової осуги, забарвлення вінчика, розмір квітки, кількість квіток у китиці, тип бобу, колір недозрілого бобу, міра вигину, форма насінини, поверхня насінини, рубчик, забарвлення насінневої оболонки, малюнок насінневої оболонки, колір сім'ядолей, форма крохмальних гранул і зморшкуватість сім'ядолей, азотфіксація. У досліджених ознак спостерігали 98 рівнів їх прояву (Свідоцтво № 171, дата пріоритету 26.10.2014) (Registration of plant ..., 2015).

Зареєстрована також генетична колекція квасолі звичайної (*Ph. vulgaris*), яка містить 82 зразки, що походять з 20 країн і згруповані за 36 ознаками: надземне розташування сім'ядолей (*Hup*), підземне розташування сім'ядолей (*Epi*), наявність антоціанової пігментації (*B-P*), відсутність антоціанової пігментації (*b-p*), супровідне забарвлення різних частин рослин (*Acc*), індетермінантний ріст (*Fin*), детермінантний ріст (*fin*), кущовий детермінантний ріст (*fin-neu-t*), кущовий індетермінантний ріст (*Fin-neu-t*), кущовий ріст з нутуючою верхівкою (*cry-Fin*), напіввиткий, виткий (*Fin-Neu*), сланкі кущі рослини (*cry-la*), світло-зелене забарвлення листка (*dgy-pa*), зелене (*dgs-Pa*), темно-зелене (*Dgs-Pa* або *Dgs-*

pa), фіолетове (*P-R-S-BI*), звичайний простий листок (*uni2*), коротке суцвіття (*lo*), довге суцвіття (*Lo*), біле забарвлення квітки (*vwf*), квітка з білим вітрилом та рожевими крилами (*wb-T-P-V*), рожеве забарвлення квітки (*un-unc*), рожева квітка з підвищеною інтенсивністю забарвлення вітрила (*Aeg-P-T-E-Uc-Unc*), червоне забарвлення квітки (*Am-Beg-No-Sal*), квітка з рожевою плямою на білому вітрилі (*Cst-R-Acc(Aeq)*), квітка з білими вітрилами та червоними крилами (*Beg-P-Vlae*); зовнішнє розташування приймочки маточки: *Ph. multiflorus* (*Ext*), *Ph. vulgaris* (*Int*); форма поперечного перерізу бобу: еліптична (*Ea-Eb*), яйцеподібна (*Ea-eb* або *ea-Eb*), округла (*ea-eb*); забарвлення бобу в технічній стиглості: жовте (*Arg-y*), зелене (*Arg-Y-ps*), фіолетове (*Pur-Ro-P-Cri*); характер малюнка пігментації бобу у фазу технічної стиглості: відсутній (*ro-pur*), крапчастий (*Rma*), смугастий (*Rst*), дифузний (*Rma*); колір пігментації бобу у фазі технічної стиглості: відсутній (*ro-pur*), рожевий (*Ro-pur*), червоний (*ro-Pur*), фіолетовий (*Ro-Pur*); наявність пергаментного шару у стулках: відсутній або слабо виражений (*fa-fb-fc*), частково наявний (*fa-Fb-Fc* або *Fa-fb-fc*), наявний (*Fa-Fb-Fc*); наявність волокна у стулках: відсутнє або слабо виражене (*St-ts*), частково наявне (*St-Ts*), наявне (*st-Ts* або *st-ts*); вигнутість гачка: відсутня (*ct*), наявна (*Ct*); форма бобу: пряма (*Da*), вигнута (*da*); забарвлення насінневої оболонки: біле (*p-r*), сіре (*PF-B*), жовте (*P-CU-CU*), охряне (*P-Ohr-Cri-CU-j*), зеленкувате (*P-Nir-Cri-CU*), ізабеллове (*PC U-Rk-Sh*), світло-

коричневе (*P-Ins*), коричневе (*P-Br-C U -Rk*), оливкове (*P-H*), рожеве (*Pbr-rk*), винно-червоне (*P-R-Cri-bl*), червоне (*P-rk4-Sh*), оранжево-червоне (*P-CJ-G-B-v*), фіолетове (*P-F-Bl*), чорне (*P-Cr-Cri-V-E*); характер малюнка оболонки: відсутній, квітка біла (*E*), відсутній, квітка забарвлена (*T*), строкатий (*Cm*), крапчастий (*punc*), смугастий (*Cst*); мармуровий (*Cma*); пляма біля рубчика типу «ластівка» (*t-z-bip-arc*), темна пляма біля рубчика (*Cor*), біла пляма біля рубчика (*cor*), плями на боках насінини (*Rcir*); забарвлення кільця біля рубчика (*can*), жовте (*Can*), коричневе (*B-P*), темніше за основний колір (*D*); темне жилкування оболонки: відсутнє (*b*), наявне (*B*); наявність блиску оболонки: матове насіння або слабкий блиск (*asp*), блиск наявний (*Asp*), сплюснений кінець насінини (*min*), вихід сім'ядолей унаслідок розтріскування (*Tr*), трьохсім'ядольність (*tri*), фотоперіодична реакція на тривалість світлового періоду в кущових зразків: нейтральна (*fin-neu*), короткоденні (*Fin-Neu*), фото хроматичний контроль завивання верхівки у індетермінантних кущових форм (*Cl*), стійкість до звичайної мозаїки квасолі (*bc-1*), жовтої мозаїки квасолі (*ri-Byn*), жовтої мозаїки квасолі BYMV-S (*ri-by3*), антракнозу (*Co-2(Are)*, *Co-15*, *Co-11*), антракнозу штаму F (*F*), до кутастої плямистості (*Phg-1*), кутастого бактеріозу (*Pse-2(R2)* до іржі (*Ur-3*, *Ur-7(Rbh)*), стійкість до фузаріозу бразильської раси (*Fop-1*), до білої гнилі (*Ws*). У досліджених ознак спостерігали 106 рівнів їх прояву (Свідоцтво № 303. Дата пріоритету 19.10.2020) (Registration of plant ..., 2021).

Серед основних перспективних напрямів селекції зернобобових слід відзначити вміст білка та стійкість до хвороб, особливо аскохітозу і фузаріозу. Така інформація відображена в ознакових і робочих колекціях (Registration of plant ...). Проте для більш детального аналізу ознак зараз актуальним є ідентифікація певних генів, їх секвенування, клонування.

Зараз навіть ознаки, що вивчав Г. Мендель, досліджено на сучасному рівні. Досліджено генетичну архітектуру, що лежить в їхній основі і виявлено раніше не описані алелі для чотирьох охарактеризованих менделівських генів 2–7, включаючи рідкісний ревертант білокріткового алеля Менделя. Автори дослідження встановили, що приблизно 100-кб геномна делеція вище за ген хлорофілсинтази (*ChlG*) порушує біосинтез хлорофілу через утворення міжгенних транскрипційних продуктів злиття, що надає жовтий фенотип стручків мутантів *gr*. Охарактеризова-

но гени та алелі, пов'язані з різноманітними агрономічними ознаками, такими як пігментація антоціаном пазушного кільця, розмір насіння та «напівбезлиста» форма (Feng et al., 2025).

Відомо, що на такий важливий компонент насіння гороху як вміст білка впливають численні гени та екологічні чинники. Одночасне поліпшення вмісту білка та крохмалю може бути складним унаслідок негативного взаємозв'язку між цими двома ознаками. Для поліпшення якості насіння гороху рекомендується дві стратегії: одночасне поліпшення вмісту білка і крохмалю або селекція сортів для конкретних кінцевих цілей. Для поліпшення якості гороху, з метою виділення білка, необхідно ретельно розробляється схема селекції (Daba and Morris, 2022).

Розуміння генетичної основи запасних білків насіння і біосинтезу крохмалю у гороші (*P. sativum*) має вирішальне значення для селекційних програм, спрямованих на поліпшення якості насіння, його функціональних властивостей та поживної цінності. Так відібрали 34 гени, що кодують запасні білки і 21 ген, що бере участь у синтезі крохмалю. Секвеновано 64 геномні регіони, пов'язані з запасними білками і ферментами метаболізму крохмалю у 100 генетично різноманітних зразках гороху з усього світу. Цільове секвенування цих генів дало 8793 генетичні варіанти, з яких 2573 –високоякісних маркери однонуклеотидного поліморфізму (SNP) були збережені для подальшого аналізу. Вміст білка у досліджуваних зразках коливався від 19,5 до 37,7%, а вміст крохмалю — від 23,8 до 47,3%, що підкреслює істотне фенотипне варіювання. Крім того, виявлена сильна негативна кореляція ($r = -0,71$, $p < 0,001$) між зморшкуватістю насіння і вмістом крохмалю, що узгоджується з генетичним варіюванням біосинтезу крохмалю у визначенні текстури насіння. Регресійний аналіз «ген-фенотип» виявив ключові гени, що мають значний вплив на вміст білка та крохмалю, включаючи легумін, провіцилін і фермент розгалуження крохмалю (Alemlu et al., 2025).

Виявлено значну варіативність у показниках ураження аскохітозом й інших агрономічних ознаках гороху. Ідентифіковано дев'ять локусів кількісних ознак (QTL) для стійкості до аскохітозу, які окремо пояснювали від 7,5 до 28% загальної фенотипічної варіації. Крім того, ідентифіковано п'ять QTL, що кодують висоту рослини, термін досягання і врожайності зерна, чотири QTL для терміну до цвітіння та два QTL стійкості до вилягання (Jha et al., 2016).

Вміст білка у насінні сої є кількісною ознакою, яка переважно контролюється адитивними ефектами генів і, зазвичай, негативно корелює з агрономічними ознаками, такими як вміст олії та врожайність. Клонування генів, пов'язаних з вмістом білка сої і локусів кількісних ознак є корисним для селекції нових сортів сої з високим вмістом білка, високою врожайністю за допомогою молекулярних технологій (Guo et al., 2022).

Соя є водночас важливою олійною культурою, яка забезпечує людину великою кількістю білка і жиру. Однак у практичному виробництві існує значна негативна кореляція між вмістом олії і білка у сої, що ускладнює отримання сортів сої з високим вмістом цих показників. Дослідження регуляторної мережі, що контролює вміст соєвої олії і білка, є обмеженими. Досліджено високобілкові, низькоолійні сорти SXL and JD33 і сорти з високим вмістом олії та низьким вмістом білка JD5 and JY202. Проведено транскриптомний і протеомний аналіз цих чотирьох дослідних сортів сої SXL, JD5, JD33 та JY202. Результати виявили загалом 7182 диференційно експресованих генів (DEG) та 1037 диференційно експресованих білків (DAP) серед досліджених сортів сої. Ідентифіковано 96 і 319 DEGs включених у метаболізмі жирних кислот і білків, а також 23 і 28 DAP, що беруть участь у метаболізмі жирних кислот і білків відповідно. Спільний аналіз транскриптомних і протеомних даних виявив загалом слабку кореляцію між експресією генів на транскрипційному і білковому рівнях, при цьому було ідентифіковано 240 спільно регульованих генів. Поєднавши метаболічні шляхи, ми ідентифікували 12 і 5 генів, які беруть участь у ліпідному обміні та синтезі білків на транскрипційному і трансляційному рівнях відповідно. Нарешті, на основі прогнозів

кореляції та взаємодії, ми ідентифікували 22 гени, які можуть одночасно негативно регулювати вміст білків і олії на транскрипційному і трансляційному рівнях. Це дослідження надає важливі наукові рекомендації для генетичного поліпшення компонентів якості сої (Mo et al., 2024).

Виявлена генетична архітектура геному сої за стійкості до *Fusarium graminearum* Schwabe у місцевих та культивованих сортах. Перевірено рівні резистентності 314 різних зразків і розроблено 22 888 одонуклеотидних поліморфізмів (SNP) з частотою мінорних алелей за допомогою підходу секвенування ампліфікованих фрагментів специфічного локусу (SLAF-seq). Відомі QTL для стійкості до *F. graminearum* (Zhang et al., 2019).

Ідентифікованот ряд генів, що відіграють важливу роль для розвитку насіння нуту та його стійкості для хвороб (Singh et al., 2024, Varshney et al., 2021, Bose et al., 2024, Jha et al., 2022, Lakmes et al., 2023).

Висновки

Сучасні генетичні колекції зернобобових культур, що зареєстровані у НЦГРПУ сформовані переважно на основі генів, що кодують морфологічні ознаки. У подальшому на основі досягнень на молекулярному рівні в галузі ідентифікації генів слід створювати генетичні колекції, що контролюють біохімічний склад насіння і стійкість до основних хвороб. У сучасному науковому просторі є перспективним визначення полігенів, що контролюють стійкість до хвороб, вмісту білка, олії та рівень їх експресії в умовах зміни клімату.

Інформація про фінансову підтримку, подяки: відсутня.

Конфлікт інтересів: автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

Список використаних джерел

1. Alemu A., Anguluri K., Yuan B., Lametsch R., Hammenhag C. Genetic variation in storage protein and starch biosynthesis genes reveals key associations with seed composition in pea (*Pisum sativum*). *Frontiers in Plant Science*. 2025. Vol. 16. 1679498. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1679498>.
2. Bose U., Buck S., Sirault X., Bahmani M., Byrne K. Chickpea proteome analysis reveals genotype-dependent variations associated with seed traits. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2024. Vol. 72 (48). P. 27030–27042. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.4c07669>.
3. Daba S. D., Morris C. F. Pea proteins: Variation, composition, genetics, and functional properties. *Cereal Chemistry*. 2022. Vol. 99 (1). P. 8–20. <https://doi.org/10.1002/cche.10439>.
4. Feng C., Chen B., Hofer J., Shi Y., Jiang M., Song B., Cheng H., Lu L., Wang L., Howard A., Bendahmane A., Fouchal A., Moreau C., Sawada C., LeSignor C., Zhang C., Vikeli E., Tsanakas G., Zhao H., Cheema J., Barclay J. E., Hou J., Sayers L., Wingen L., Vigouroux M., Vickers M., Ambrose M., Dalmais M., Higuera-Poveda P., Li P., Yuan Q., Spanner R., Horler R., Wouters R., Chundakkad S., Wu T., Zhao X., Li X., Sun Y., Huang Z., Wu Z., Deng X. W., Steuernagel B., Domoney C., Ellis N., Chayut N., Cheng S. Genomic and genetic insights into Mendel's pea genes. *Nature*. 2025. Vol. 642. P. 980–989. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-08891-6>.

5. Guo B., Sun L., Jiang S., Ren H., Sun R., Wei Z., Hong H., Luan X., Wang J., Wang X., Xu D., Li W., Guo C., Qiu L. J. Soybean genetic resources contributing to sustainable protein production. *Theoretical and Applied Genetics*. 2022. Vol. 135 (11). P. 4095–4121. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04222-9>.
6. Jha A. B., Tar'an B., Stonehouse R., Warkentin T. D. Identification of QTLs associated with improved resistance to ascochyta blight in an interspecific pea recombinant inbred line population. *Crop Science*. 2016. Vol. 56. P. 2926–2939. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.01.0001>.
7. Jha U. C., Sharma K. D., Nayyar H., Parida S. K., Siddique K. H. M. Breeding and genomics interventions for developing ascochyta blight resistant grain legumes. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022. Vol. 23. 2217. <https://doi.org/10.3390/ijms23042217>.
8. Lakmes A., Jhar A., Brennan A. C., Kahriman A. Inheritance of early and late ascochyta blight resistance in wide crosses of chickpea. *Genes*. 2023. Vol. 14. 316. <https://doi.org/10.3390/genes14020316>.
9. Mo W., Wang P., Shi Q., Zhao X., Zheng X., Ji L., Zhang L., Geng M., Wang Y., Wang R., Bian M., Meng X., Zuo Z., Yang Z. Uncovering key genes associated with protein and oil in soybeans based on transcriptomics X and proteomics. *Industrial Crops and Products*. 2024. Vol. 222 (5). 119981. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2024.119981>.
10. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetičnì Resursi Roslin*. 2015. № 16. P. 124–127. [in Ukrainian]
11. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetičnì Resursi Roslin*. 2021. № 28. P. 156–157. [in Ukrainian]
12. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetičnì Resursi Roslin*. 2013. № 13. P. 124–126. [in Ukrainian]
13. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetičnì Resursi Roslin*. 2020. № 26. P. 145. [in Ukrainian]
14. Registration of plant gene pool collections in Ukraine. *Genetičnì Resursi Roslin*. 2020. № 27. P. 129–131. [in Ukrainian]
15. Regulations on registration of plant gene pool collections at the National Centre of Plant Genetic Resources of Ukraine. Kharkiv, 2012. 23 p. [in Ukrainian]
16. Singh R., Rana V., Yadav S. K., Kumar V. Genome-wide identification and expression analysis of genes encoding late embryogenesis proteins in *Cicer arietinum*. *Plant Gene*. 2024. Vol. 40. 100469. <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2024.100469>.
17. Varshney R. K., Roorkiwal M., Sun S., Bajaj P., Chitkineni A. A chickpea genetic variation map based on the sequencing of 3,366 genomes. *Nature*. 2021. Vol. 599. 622–627. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04066-1>.
18. Zadorozhna O. A. Problems and prospects of creating genetic collections of cereal crops. *Factors of experimental evolution of organisms*. 2025. Vol. 37. P. 88–92. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v37.1752> [in Ukrainian]
19. Zhang C., Zhao X., Qu Y., Teng W., Qiu L., Zheng H., Wang Z., Han Y., Li W. Loci and candidate genes in soybean that confer resistance to *Fusarium graminearum*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2019. 132 (2). P. 431–441. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3230-3>.

ZADOROZHNA O. A., BEZUHLA O. M.

V. Ya. Yuriev of Plant Production of NAAS,
Ukraine, 61060, Kharkiv, Heroiv Kharkova Ave., 142

PROBLEMS AND PROSPECTS FOR CREATING GENETIC COLLECTIONS OF GRAIN LEGUMES

Aim. To determine the state of genetic collections of legumes at the National Center for Plant Genetic Resources of Ukraine and discuss promising approaches for forming new genetic collections for promising areas of legume breeding.

Methods. The analysis of the state of genetic collections was carried out using visual analysis and analysis of literary sources. **Results.** The collections of garden peas (*Pisum sativum* L.), common beans (*Phaseolus vulgaris* L.), common chickpeas (*Cicer arietinum* L.), cultivated soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.), and edible lentils (*Lens culinaris* Medik) were analyzed. The proportion of genetic collections and their composition were determined. Modern genetic collections of leguminous crops registered in the National Center for Plant Genetic Resources of Ukraine are formed mainly on the basis of genes encoding morphological traits. The prospects for molecular research methods, including the identification of individual genes and QTL mapping, have been determined. **Conclusions.** In the future, based on achievements at the molecular level, it is necessary to create genetic collections of legumes that control the biochemical composition of seeds and resistance to major diseases. In the current scientific space, it is promising to identify polygenes that control disease resistance, protein and oil content, and their expression levels under climate change conditions.

Keywords: genetic resources, collections, legumes, resistance, protein.

Надходження статті: 01 березня 2026 р.

Прийняття до друку після рецензування: 20 квітня 2026 р.

Публікація: 30 червня 2026 р.