

АНОТАЦІЯ

Функціональними ДНК-маркерами, методом полімеразної ланцюгової реакції, CAPS-аналізом, рестрикційним аналізом, горизонтальним електрофорезом і цифровим аналізом електрофореграм досліджено 30 нових ліній кукурудзи (*Zea mays L.*) зародкової плазми Ланкастер. Метою роботи була молекулярно-генетична оцінка селекційного матеріалу за маркерами, асоційованими зі стійкістю до посухи та вмістом каротиноїдів у зерні.

У роботі проведено рідинно-фазне виділення геномної ДНК, ПЛР-аналіз із маркерами *dhnC397*, *rspC1090* і *crtRB1-3'TE* та визначення алельних станів генів *dhn1*, *rsp41* і *crtRB1*. Для маркерів посухостійкості застосовано CAPS-підхід із рестрикційним аналізом, а для *crtRB1-3'TE* алельні варіанти визначали за розмірами ампліфікованих фрагментів.

Встановлено, що сприятливий алель А за *dhnC397* виявлено у 22 ліній (73,3 %), а сприятливий алель G за *rspC1090* - у 14 ліній (46,7 %). Сприятливі алелі за обома маркерами посухостійкості встановлено у дев'яти ліній. За *crtRB1-3'TE* сприятливий алель 1, що відповідає фрагменту 543 п.н. і асоційований із підвищеним накопиченням β -каротину, виявлено лише у лінії SCP1285.

Наукова новизна полягає у застосуванні функціональних ДНК-маркерів для характеристики нових ліній кукурудзи зародкової плазми Ланкастер за алельними станами генів, пов'язаних із посухостійкістю та каротиноїдним складом зерна. Практичне значення результатів полягає у виділенні SCP1285 як найперспективнішого генотипу для подальшого селекційного вивчення.

Кваліфікаційна робота викладена на 50 сторінках, ілюстрована 6 таблицями та 6 рисунками. Список використаних джерел включає 41 роботу.

Ключові слова: кукурудза, функціональні ДНК-маркери, посухостійкість, каротиноїди, *crtRB1*, *dhn1*, *rsp41*.