Облікова картка дисертації

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0823U101329

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 16-11-2023

Статус: Запланована

Реквізити наказу МОН / наказу закладу:

II. Відомості про здобувача

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Тао Є. ..
2. Ye Tao

Кваліфікація:

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Вид дисертації: доктор філософії

Аспірантура/Докторантура: так

Шифр наукової спеціальності: 201

Назва наукової спеціальності: Агрономія

Галузь / галузі знань: аграрні науки та продовольство

Освітньо-наукова програма зі спеціальності: 201 Агрономія

Дата захисту: 20-12-2023

Спеціальність за освітою: Агрономія

Місце роботи здобувача:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

III. Відомості про організацію, де відбувся захист

Шифр спеціалізованої вченої ради (разової спеціалізованої вченої ради): 3103

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

IV. Відомості про підприємство, установу, організацію, в якій було виконано дисертацію

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

V. Відомості про дисертацію

Мова дисертації: Англійська

Коди тематичних рубрик: 68.35

Тема дисертації:

1. Селекційна цінність пшениці залежно від функціональних особливостей фітопатогенів борошнистої роси
2. Plant-breeding Value of Wheat is Depending on the Functional Features of Powdery Mildew Phytopathogens

Реферат:

1. Дисертаційна робота спрямована на теоретичне обґрунтування та практичне вирішення питань створення вихідного матеріалу пшениці озимої зі стійкістю до борошнистої роси для селекційних цілей та вивчення молекулярно-генетичних основ резистентності рослин до борошнистої роси. Поглиблення теоретичних досліджень і вирішення практичних завдань з метою створення сортів з контрольованим рівнем борошнистої роси є актуальним завданням сучасної науки. Таким чином, автори виявили стійкість дорослих рослин до борошнистої роси у 86 нових ліній пшениці. Експеримент проводився на випробувальній базі з вирощування пшениці в провінції Хенань в 2020-2022 роках. Тестовані селекційні матеріали були отримані з 45 відповідних селекційних підрозділів Китаю, де були створені 86 нових ліній пшениці. В ході тесту була проведена оцінка стійкості до борошнистої роси, а також аналіз джерел генів резистентності до хвороби. При тестуванні резистентності до борошнистої роси в 2020 році з 86 нових сортів пшениці тільки 11,7 % показали хороші результати. На дорослій стадії розвитку рослин не виявлені лінії зі стійкістю до хвороб, яка була б на рівні імунної або близької до імунізації. Високу стійкість до хвороби на стадії дорослих рослин мали

4 лінії. Ще 2 лінії на цій стадії характеризувалися помірною стійкістю до хвороби. Помірну сприйнятливість мали 4 лінії. Вони становили 4,7 %, 2,3 % та 4,7 % від загальної кількості оцінених зразків відповідно, а вцілому стійкість була низькою. Нами використаний аналіз родоводу та дані резистентності батьківських форм до хвороб, щоб виявити гени стійкості у досліджуваних сортів. Вірогідно, що генетичними джерелами деяких стійких до борошнистої роси сортів можуть бути Aikang 58, Jimai 22, Yumai 34, Zhengmai 366, Liangxing 66, Zhoumai 16, Zhoumai 18, Yumai 47 та Xiaoyan 926A. На ранній стадії цього дослідження була сконструйовано колекцію клонів ДНК (кДНК) двогібридних дріжджів (yeast two hybrid - Y2H) з використанням чудового сорту звичайної пшениці Bainong 64, який широко застосовувався у виробництві, а також завершено секвенування геному. Для скринінгу бібліотеки кДНК системи Y2H був використаний як білок-приманка ген Pm46, створений на двохгібридній заквасці. Попередньо було доведено, що стійкість до хвороб може бути пов'язана з функцією отриманих взаємодіючих білкових генів. В результаті цього було клоновано та охарактеризовано TaGDSL, ген, який відіграє позитивну регуляторну роль у стійкості пшениці до борошнистої роси. Клонування гена Pm46 виконано за участі кДНК сорту Bainong 64 загальною довжиною 1545 пар нуклеотидів, які кодували 514 амінокислот. За допомогою Y2H виконано скринінг взаємодії білка Pm46. Для конструювання вектора-приманки pGBKT7-Pm46 була використана технологія In-Fusion для введення кодуючої послідовності (CDS) Pm46 в дріжджовий подвійний гібридний вектор-приманку pGBKT7. Зростання дріжджів не мало токсичної дії і не призводило до самоактивації. Це вказує на те, що повна довжина нуклеотидів Pm46 може бути використана як приманка для скринінгу системних бібліотек Y2H. У цьому дослідженні з допомогою Y2H були обстежені 5 білків, що взаємодіють з Pm46 і, можливо, пов'язані з регуляцією захворювань рослин. Для пригнічення п’яти з відібраних взаємодіючих білкових генів, які можуть бути пов'язані зі стійкістю до хвороб у звичайної пшениці сорту Bainong 207, відповідно була використана система інгібування генів, індукована вірусом смугастої мозаїки ячменю (BSMV-VIGS). Результати показують, що TaGDSL відіграє активну регуляторну роль у механізмі розвитку борошнистої роси. Були сконструйовані вектор надмірної експресії гена TaGDSL та вектор РНК-інтерференції (RNAi), які методом зараження Agrobacterium перенесено в звичайну пшеницю Bainong 207. Шляхом трансформації Agrobacterium tumefaciens була створена стабільна нокдаун-експресія мічених рослин. Отримані результати підтвердили, що пшениця була більш сприйнятливою до хвороб, коли ген TaGDSL був “вимкнений". Цей результат узгоджується також з аналізами VIGS. Швидкість проростання та росту міцелію борошнистої роси на листках позитивних трансгенних рослин була набагато вищою, ніж у листя пшениці дикого типу (WT). Підвищену стійкість до борошнистої роси мали рослини з вектором надмірної експресії селективного “мовчання” (RNAi) гена TaGDSL. В результаті аналізу тривалого періоду росту в рослин пшениці показана функціональна ідентифікація гена TaGDSL, в результаті чого “вимкнений" ген TaGDSL може протистояти борошнистій росі. Після інокуляції борошнистою росою урожайність посіву пшениці – біомаса соломи, зерна, кількість колосків і маса 1000 насінин у ліній RNAi були значно вищими, ніж у ліній WT при дозріванні. Цими результатами підтверджуються, що TaGDSL є активним регулятором стійкості до борошнистої роси. Наші висновки демонструють, що “вимкнений" TaGDSL є потенційно корисним, оскільки може допомагати у створенні генетично модифікованих генотипічних матеріалів з резистентністю до борошнистої роси пшениці.

2. The dissertation work provides a theoretical foundation and practical solution to the issues of creating source material of winter wheat with resistance to powdery mildew for breeding purposes and establishing the molecular and genetic basis of plant resistance to powdery mildew. The urgent task of modern science is to expand theoretical research and solve practical problems in order to create varieties with a controlled level of powdery mildew. Therefore, the authors identified the adult disease resistance of powdery mildew in 86 new wheat lines. The experiment was conducted at the Wheat Test Base in Henan Province in 2020–2022. The test materials were from 45 relevant breeding units in China. There are 86 new wheat lines. The test carried out powdery mildew resistance identification. And analyzing the source of disease resistance genes. In the 2020 resistance test for powdery mildew, only 11.7% of the 86 new wheat lines identified performed well. There is no line of disease resistance in the adult stage that is immune or near-immunized. There are four lines that are highly resistant to

disease during the adult stage. There are two lines with moderate resistance to disease in the adult stage. There are four lines that are moderately susceptible. They accounted for 4.7%, 2.3%, and 4.7% of the total identified materials, respectively, and the overall resistance was poor. We use pedigree analysis and parental resistance to disease to derive disease resistance genes for varieties that are resistant to disease. It is speculated that the genetic sources of some powdery mildew-resistant varieties may be Aikang 58, Jimai 22, Yumai 34, Zhengmai 366, Liangxing 66, Zhoumai 16, Zhoumai 18, Yumai 47 and Xiaoyan 926A. In the early stages of this research, the yeast two hybrid (Y2H) cDNA library was constructed using the excellent common wheat variety Bainong 64, which has been widely promoted in production and has completed genome sequencing. Based on Y2H, Pm46 was used as a bait protein to screen the Y2H system cDNA library, and the function of the obtained interacting protein genes, which may be related to the resistance of disease, was preliminary proved. As a result, TaGDSL, a gene that plays a positive regulatory role in wheat powdery mildew resistance, was cloned and characterized. Cloning of the Pm46 gene: the Pm46 gene was cloned from the cDNA of Bainong 64, with a total length of 1545 bp and encoding 514 amino acids. Screening the interaction protein of Pm46 by Y2H: In-Fusion technology was used to introduce the CDS of Pm46 into the yeast double hybrid bait vector pGBKT7 to construct the pGBKT7-Pm46 bait vector. The growth of yeast has no toxic effect or self-activation effect, indicating that the full length of Pm46 can be used as a bait to screen the Y2H system libraries; in this study, 5 proteins interacting with Pm46 that may be related to disease regulation were screened by Y2H. Function verification of the interacted protein genes: the gene silencing system induced by barley stripe mosaic virus (BSMV-VIGS) was used to silence 5 of the screened interacted protein genes, which may be related to the resistance to disease in the common wheat of Bainong 207, respectively. The results show that TaGDSL plays an active regulatory role in the powdery mildew resistance pathway. The over-expression vector of the TaGDSL gene and the RNAi interference vector were constructed, and the vectors were transferred into the common wheat Bainong 207 by the Agrobacterium infection method. The stable knockdown expression of TaGDSL plants was built by Agrobacterium tumefaciens transformation. The results also showed that wheat was more susceptible to disease when the TaGDSL gene was silenced, and the result is consistent with the VIGS assays. The germination and mycelia growth rates of powdery mildew on the leaves of positive transgenic plants were much faster than those of wild-type wheat leaves. The silencing (RNAi) TaGDSL plants had enhanced powdery mildew resistance. Functional identification of the TaGDSL gene from wheat by the long-growth period assay proved that silencing of the TaGDSL gene could resist powdery mildew in wheat plants. After inoculation with powdery mildew, the straw biomass, grain, number of spikelets, and 1000-grain weight of the RNAi lines were significantly higher than those of the WT lines at maturation. These results support the idea that TaGDSL is an active regulator of powdery mildew resistance. Our findings demonstrate that TaGDSL silencing is potentially useful since it can help generate genetically modified genotype materials with powdery mildew resistance in wheat.

Державний реєстраційний номер ДіР:

Пріоритетний напрям розвитку науки і техніки: Фундаментальні наукові дослідження з найбільш важливих проблем розвитку науково-технічного, соціально-економічного, суспільно-політичного, людського потенціалу для забезпечення конкурентоспроможності України у світі та сталого розвитку суспільства і держави

Стратегічний пріоритетний напрям інноваційної діяльності: Технологічне оновлення та розвиток агропромислового комплексу

Підсумки дослідження: Теоретичне узагальнення і вирішення важливої наукової проблеми

Публікації:

- Осьмачко О.М., Власенко В.А., Бакуменко О.М., Тао Є, Ошомок Т.В. Стійкість до борошнистої роси зразків Triticum aestivum L. 4th WWSRRN CIMMYT в умовах північно-східного Лісостепу України. Генетичні ресурси рослин, 2019. Вип. 24. С. 74-89.

- Tao Ye, Vlasenko V., Osmachko O., Bakumenko O. Research status and prospect of genes related with resistance to powdery mildew of wheat. Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія Агрогомія і біологія, 2020. Вип. 42, № 4. С. 49-60.
- Tao Ye, Vlasenko V., Wu L. Cloning and Bioinformatics Analysis of Wheat Powdery Mildew Resistance Related Gene TaGDSL. Вісник Сумського національного аграрного університету. Серія Агрогомія і біологія, 2021. Вип. 44, № 2, С. 66-72.
- Jun Xu, Ping Hu, Ye Tao, Puwen Song, Huanting Gao, Yuanyuan Guan. Genome-wide identification and characterization of the Lateral Organ Boundaries Domain (LBD) gene family in polyploid wheat and related species. Peer J. 2021.Vol. 11, № 9. P. 11811.
- Liuliu Wu, Yongang Yu, Haiyan Hu, Ye Tao, Puwen Song, Dongxiao Li, Yuanyuan Guan, Huanting Gao, Xiaotian Sui, Trotsenko Volodymyr, Vlasenko Volodymyr, Halyna Zhatova and Chengwei Li. A New Vesicle Transport Protein SFT2 - like (SFT2L) Enhances cadmium tolerance and reduces cadmium accumulation in common wheat grains. Journal of Agricultural and Food Chemistry. 2022. Vol. 70, № 18. P. 5526-5540.
- Liuliu Wu, Yongang Yu, Xiaotian Sui, Ye Tao, Halyna Zhatova, Puwen Song, Dongxiao Li, Yuanyuan Guan, Huanting Gao, Trotsenko Volodymyr, Qiaoyan Chen, Haiyan Hu, Chengwei Li. A novel wheat □ - amylase gene TaBMY1 reduces Cd accumulation in common wheat grains. Environmental and Experimental Botany, 2022. Vol. 203. P. 105050.
- Ping Hu, Puwen Song, Jun Xu, Qichao Wei, Ye Tao, Yueming Ren, Yongang Yu, Dongxiao Li, Haiyan Hu, and Chengwei Li. Genome-Wide Analysis of Serine Hydroxymethyltransferase Genes in Triticeae Species Reveals That TaSHMT3A-1 Regulates Fusarium Head Blight Resistance in Wheat. Frontiers in plant science, 2022. Vol. 13. P. 847087.

Наукова (науково-технічна) продукція: технології; матеріали

Соціально-економічна спрямованість:

Охоронні документи на ОПІВ:

Впровадження результатів дисертації: Впроваджено

Зв'язок з науковими темами:

VI. Відомості про наукового керівника/керівників (консультанта)

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Власенко Володимир Анатолійович

2. Volodymyr Vlasenko

Кваліфікація: д. с.-г. н., професор, 06.01.05

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0002-5535-6747

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

VII. Відомості про офіційних опонентів та рецензентів

Офіційні опоненти

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Маренич Микола Миколайович
2. Mykola Marenych

Кваліфікація: д. с.-г. н., професор, 06.01.09

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0002-8903-3807

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Полтавський державний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 00493014

Місцезнаходження: вул. Сковороди, буд. 1/3, Полтава, Полтавський р-н., 36003, Україна

Форма власності: Державна

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: https://ror.org/01s344n79

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Гуменюк Олександр Володимирович
2. Alexander Humeniuk

Кваліфікація: к. с.-г. н., 06.01.05

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0002-1147-088X

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Миронівський інститут пшениці імені В. М. Ремесла Національної академії аграрних наук України

Код за ЄДРПОУ: 00496863

Місцезнаходження: вул. Центральна, буд. 68, с. Центральне, Миронівський р-н., 08853, Україна

Форма власності: Державна

Сфера управління: Національна академія аграрних наук України

Ідентифікатор ROR:

Рецензенти

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Бутенко Андрій Олександрович
2. Andriy Butenko

Кваліфікація: к. с.-г. н., доц., 06.01.09

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0001-5431-3481

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Коваленко Владислав Миколайович
2. Vladyslav Kovalenko

Кваліфікація: к. с.-г. н., доц., 06.01.05

Ідентифікатор ORCID ID: 0000-0002-9830-3370

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи: Сумський національний аграрний університет

Код за ЄДРПОУ: 04718013

Місцезнаходження: вул. Герасима Кондратьєва, буд. 160, Суми, Сумський р-н., 40021, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

VIII. Заключні відомості

Власне Прізвище Ім'я По-батькові голови ради	Мельник Андрій Васильович
Власне Прізвище Ім'я По-батькові головуючого на засіданні	Мельник Андрій Васильович
Відповідальний за підготовку облікових документів	Tao Ye
Реєстратор	УкрІНТЕІ
Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є відповідальним за реєстрацію наукової діяльності	Юрченко Тетяна Анатоліївна