ДОДАТОК

ВИБРАНІ ТЕЗИ ДОПОВІДЕЙ
на XI з'їзді Українського товариства генетиків і селекціонерів імені М.І. Вавилова та асоційованій зі з'їздом XX Міжнародній науковій конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів»

(26–29 вересня 2025 р., м. Київ, Україна)

BUSLYK T.V.[1], PEKA M.Yu.[2,3], KOZAK M.R.[1], YUZVIAK M.O.[1], SALYHA Yu.T.[1], STAPAY P.V.[1], SAIENKO A.M.[2]

[1]*Institute of Animal Biology of NAAS, Lviv, Ukraine*
[2]*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of NAAS, Poltava, Ukraine*
[3]*V.N. Karazin Kharkiv National Universit, Kharkiv, Ukraine*
e-mail: tvbuslyk@gmail.com

CHARACTERIZATION OF SNPS IN THE NON-CODING REGIONS OF THE MYOSTATIN GENE IN UKRAINIAN CARPATHIAN MOUNTAIN SHEEP AND THEIR POTENTIAL AS A GENETIC RESOURCE FOR SHEEP BREEDING

The preservation and rational utilization of the sheep gene pool are highly urgent issues in the development of modern sheep breeding. Contemporary methods of selection and breeding enable the realization of genetic potential for increased productivity and farm animals` breeding value.

The Ukrainian Carpathian Mountain sheep is a local breed from the Carpathian region of Ukraine. This breed is well-adapted to grazing in mountainous terrain. The myostatin (*MSTN*) gene is considered a promising marker for improving economically important traits in livestock, particularly those related to muscle tissue development. Myostatin is a well-established negative regulator of muscle growth and development in mammals, and genetic variations within the ovine *MSTN* gene are linked to differences in sheep musculature.

In order to find potentially beneficial mutations we performed Sanger sequencing of 1093 bp nucleotide sequence of the 3` untranslated region (3′UTR) of *MSTN* gene of the Ukrainian Carpathian Mountain sheep. Eight known single nucleotide polymorphisms (SNPs) were found to be monomorphic in the Ukrainian Carpathian Mountain breed in 3′UTR. The following genotypes were identified: *c.*707TT, c.*709AA, c.*874TT, c.*1098AA, c.*1232GG, c.*1267AA, c.*1316GG, c.*1489GG*. Thus, it can be concluded that marker-associated selection involving SNPs of the 3′UTR region of the *MSTN* gene is not suitable for the Ukrainian Carpathian Mountain sheep due to the confirmed monomorphism of the studied SNPs in this region.

Also, to identify SNPs within this breed, a 1062 bp sequence of intron 1 of the ovine *MSTN* gene was sequenced using Sanger sequencing. Sequence analysis revealed nine SNPs (*c.373+241T>C, c.373+243G>A, c.373+246T>C, c.373+249T>C, c.373+259G>T, c.373+283T>C, c.373+323C>T, c.373+563G>A, c.373+607G>A),* which collectively contributed to the formation of six distinct haplotypes. All loci, with the exception of the *c.373+283T>C* polymorphism, were found to be in Hardy-Weinberg equilibrium.

We successfully identified several SNPs that may be of critical importance for future studies. It also lays the foundation for subsequent association studies needed to assess the potential of these SNPs as genetic markers for economically important traits in Ukrainian Carpathian Mountain sheep breeding.

ГРОМИКО О.М., ФЕДОРЕНКО В.О.
Львівський національний університет імені Івана Франка, Львів, Україна,
e-mail: oleksandr.gromyko@lnu.edu.ua

ГЕНЕТИЧНІ РЕСУРСИ КОЛЕКЦІЇ КУЛЬТУР МІКРООРГАНІЗМІВ – ПРОДУЦЕНТІВ АНТИБІОТИКІВ В КОНТЕКСТІ РОЗВИТКУ МІКРОБНИХ БІОТЕХНОЛОГІЙ УКРАЇНИ. ДО 30-РІЧЧЯ ВІД ЗАСНУВАННЯ

Біоресурсні центри, зокрема мікробні колекції, відіграють центральну роль як основні сховища й постачальники культивованих мікроорганізмів та їхніх складових (Díaz et al., 2021). Функціонування центрів особливо актуальне у контексті сучасних глобальних викликів, таких як зростаюча антибіотикорезистентність, хімічне забруднення довкілля, необхідність у нових біотехнологічних рішеннях фармаційного, агрономічного, харчового, екологічного спрямувань.

Колекція культур мікроорганізмів – продуцентів антибіотиків (ККМПА) заснована у 1995 році на кафедрі генетики і біотехнології Львівського національного університету імені Івана Франка, і включена в Державний реєстр наукових об'єктів, що становлять національне надбання України. Базовим напрямом досліджень ККМПА є вивчення мікробного біорізноманіття природних і техногенних середовищ, характеристика їхнього біотехнологічного потенціалу. Ми здійснюємо скринінг нових природних біоактивних сполук, досліджуємо механізми регулювання експресії генома актиноміцетів та генетичного контролю біосинтезу антибіотиків і стійкості до них, конструюємо покращені штами мікроорганізмів для виробництва антибіотиків, розробляємо технології виробництва бактеріальних концентратів для харчової промисловості, а також підходи до біоремедіації ґрунтів та екологізації агроекосистем на основі природних мікробних ізолятів.

Сьогодні фонди ККМПА налічують більше 4 000 одиниць зберігання: актиноміцети (35 родів), інші бактерії (8 класів, 22 роди), в т.ч. міксобактерії, молочнокислі бактерії, гриби (8 родів), рекомбінантні молекули ДНК, базу секвенованих генів та геномів. Значну частку ККМПА складають природні ізоляти, що є безцінним джерелом генетичного різноманіття. Близько 2 500 представників класу *Actinomycetes* виділені нами з біотопів Кримського півострова, більше 500 – з біотопів Антарктики, що є унікальним внеском у світову колекцію екстремофільних штамів, а також близько 200 ізолятів з Карпатського регіону, Серед класифікованих природних ізолятів представники рідкісних та малочисельних родів *Actinorectispora, Embleya, Mumia, Plantactinospora, Umezawaea, Melittangium* тощо. У результаті рекласифікації роду *Actiniplanes* ми описали 4 нові роди: *Paractinoplanes*, *Symbioplanes*, *Winogradskya* та *Amorphoplanes*. Описано два нових види актиноміцетів – *Mumia qirimensis* Pv 4-285^T (Lv 822) та *Streptomyces explomaris* Je 1-4^T (Lv 166). У портфелі ККМПА характеристики генетичного контролю біосинтезу антибіотиків канаміцину, еритроміцину, моеноміцину, ландоміцинів тощо, технології конструювання надпродуцентів антибіотиків, 27 нових природних біологічно активних сполук (юніперолід А, ліополінова кислота, рубіміцинон А, олеаміцини А і В тощо), новий клас антибіотиків громоміцинів А–Н з широким спектром антибактерійної дії, технологія виготовлення бактеріального концентрату «Carpaticus», який виготовляє ККМПА, та успішно застосовує Молочна компанія «Галичина» у виробництві йогуртів.

Сьогодні ККМПА є одним з найбільших і найактивніших центрів мікробних біоресурсів та генетико-селекційних досліджень мікроорганізмів в Україні, про що свідчать окреслені в цьому повідомленні основні здобутки фундаментальних і прикладних досліджень. Детальна інформація про ККМПА доступна на сайті: http://mccap.org.ua.

КОЛІСНИК Х. М., ГРИЦАК Л. Р., ПРОКОП'ЯК М. З., ДРОБИК Н. М.
Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, Тернопіль, Україна,
e-mail: kolisnikhristina32@gmail.com

РОЗРОБКА ІНТЕГРАЛЬНОГО ПІДХОДУ ДО ПІДВИЩЕННЯ АДАПТИВНОГО ПОТЕНЦІАЛУ РОСЛИН ВИДІВ РОДУ *CARLINA* L. *IN VITRO*

Збереження різноманіття цінних лікарських рослин залишається важливим завданням сучасності. Погіршення екологічного стану та антропогенний вплив спричинили зменшення чисельності популяцій видів роду *Carlina* L. Одним з ефективних шляхів розв'язання цієї проблеми є застосування біотехнологічних методів культивування *in vitro*, які дозволяють не лише зберегти природне різноманіття, а й забезпечити фармацевтичну галузь біотехнологічною сировиною.

З метою підвищення пристосувальних можливостей відкасників нами запропоновано інтегральний підхід на основі раніше розробленої Л. Р. Грицак та Н. М. Дробик в лабораторії екології та біотехнології Тернопільського національного педагогічного університету імені Володимира Гнатюка та успішно реалізованої технології збереження високогірних видів на прикладі видів роду *Gentiana* L. Технологія передбачає розробку підходів до підвищення адаптивного потенціалу рослин ще на стадії *in vitro* та дозволяє отримати високожиттєздатний посадковий матеріал. Завдяки модифікації фізико-хімічних умов культивування рослин *in vitro*, можна цілеспрямовано впливати на фізіологічні процеси, а, відтак, підвищувати адаптаційні можливості до умов *ex vitro* та *in situ*. Поряд із цим, необхідною умовою є врахування фізіологічних особливостей видів у природних умовах росту, які визначають потреби рослин *in vitro* у світловому, водному та температурному режимах, а також елементах живлення.

У зв'язку з цим, було проведено дослідження кліматичних та едафічних умов росту відкасників, а також їхніх фізіологічних особливостей у природних популяціях. Це дало змогу визначити критерії-маркери оцінки функціонального стану рослин для контролю модифікацій *in vitro* у відповідь на зміни умов культивування. З цією метою вивчено стану фотосинтетичного апарату та водного балансу *Carlina acaulis* L., *Carlina onopordifolia* Besser ex Szafer, Kulcz. et Pawl, *Carlina cirsioides* Klokov *in situ*, а також визначено хімічний склад та обмінну кислотність ґрунтів з природних місць росту.

Проведене комплексне дослідження вмісту та співвідношення фотосинтетичних пігментів відкасників, параметрів індукції флуоресценції хлорофілу *a* та водного балансу рослин *in situ* дало змогу оптимізувати світловий режим для культивування *in vitro C. onopordifolia, C. cirsioides* та *C. acaulis*. Вивчення елементного складу та обмінної кислотності ґрунтів із природних місць зростання стало основою для збалансування хімічного складу живильного середовища в умовах *in vitro*.

Враховуючи вище зазначене, нами запропоновано модель інтегрального підходу до підвищення адаптивного потенціалу рослин видів роду *Carlina in vitro*, яка передбачає першочергове врахування еволюційно сформованих біологічних потреб видів у світловому режимі (інтенсивність освітлення та спектральний склад), елементах мінерального живлення та регуляторах/стимуляторах росту. Це мінімізує вплив умов *in vitro* на морфо-фізіологічні ознаки рослин, наближаючи їх до природних, і підвищує адаптивний потенціал рослин до умов *ex vitro.*

Отже, нами розроблено біотехнологічні підходи, спрямовані на підвищення адаптивного потенціалу рідкісних лікарських видів роду *Carlina*, які можуть бути використані у природоохоронних програмах для збереження та підвищення стійкості інших рідкісних видів рослин.

ЛЯХОВИЧ Л.М.
Державний біотехнологічний університет, Харків, Україна,
e-mail: liubov.vet@ukr.net

РИЗИКИ ДЛЯ ПОПУЛЯЦІЙ ЗООПАРКОВИХ ТА СВІЙСЬКИХ ПТАХІВ: АНАЛІЗ ПОСТМОРТАЛЬНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ

У сучасних умовах зростає спектр ризиків, які загрожують благополуччю популяцій птахів, що утримуються в неволі. Об'єктивні дані щодо їх впливу часто вдається отримати лише після аналізу постмортального дослідження загиблих птахів та врахування анамнезу (насамперед, оцінки умов утримання і годівлі). Серед найуразливіших категорій залишаються зоопаркові птахи та свійські кури за утримання у кліткових батареях. Висвітлення відповідної інформації сприяє розробці ефективних превентивних заходів з усунення потенційних загроз для благополуччя птахів.

Досліджували та аналізували патологоморфологічні зміни у загиблих зоопаркових птахів різних видів, а також у свійських курей та індиків із птахівничих господарств різних форм власності. Постмортальний аналіз змін при дослідженні загиблих зоопаркових та екопаркових фазанів, павичів, крижнів, лебедів, голубів часто вказував на зв'язок їх летальності із порушеннями умов утримання та ігноруванням трофічних ланцюгів при їх годівлі. В останні роки зросла частка прихованих та неврахованих за життя птахів (у зв'язку із відсутністю характерного клінічного прояву) ризиків ураження різних органів у павичів та лебедів при спільному скупченому утриманні із поголів'ям птиці інших видів (що практикується з метою економії ресурсів в холодну пору року). Добробут птахів при цьому порушується, що провокує різноманітні ускладнення для їх організму. За скупчених умов, зокрема, спостерігаються травматичні пошкодження у павичів та лебедів, які є великогабаритними птахами. За даними, отриманими під час автопсій, у них часто травмуються, насамперед, крила. Також, при патоморфологічному дослідженні загиблих павичів, які утримувалися в екопарках, встановлені порівняно нові для цих птахів форми печінкових уражень, які у сучасній номенклатурі патологій класифікуються, як синдром геморагій жирної печінки. Ураження печінки такого роду призводило до дуже швидкої, часто раптової, загибелі батьківських пар павичів. За наявності у них пташенят зростала загроза втрати всієї сім'ї. У загиблих декоративних лебедів діагностували також метаболічні патології та інтоксикаційний синдром через хронічні отруєння. У фазанів, при порушенні ветеринарно-гігієнічних параметрів та ігноруванні їх видової трофічної спеціалізації, часто виявляли ураження різного ґенезу з локалізацією у кишковому тракті, і, як наслідок, загальне виснаження, анемію та дегідратацію організму. У самиць фазанів при цьому припинялася яйцекладка. Смерть фазанів частіше спостерігали після хронічного перебігу захворювань. У голубів виявляли паразитарні інвазії, коморбідність паразитозів і мікозів, а також отруєння кухонною сіллю після обробки доріжок екопарку з метою профілактики ожеледиці.

У свійських курей, за утримання у кліткових батареях в умовах птахофабрик, діагностували різні поєднання травматичних та метаболічних патологій. У курей із приватних міні-ферм домінували ушкодження печінки та кишкової стінки паразитарної етіології. В окремих популяціях курей із птахогосподарств, де утримуються особини однієї селекційної лінії, виявляли проліферативні ураження із залученням гемопоетичних структур та лімфоїдних органів, та їх критичні ускладнення. У загиблих індиків бройлерів спостерігали протеїново-ліпідний та полівітамінно-мінеральний дефіцит із ураженнями багатьох органів та систем на тлі незбалансованої годівлі.

Серед етіологічних чинників, які встановлені за випадків загибелі досліджених птахів, переважали *порушення* їхньої годівлі, параметрів утримання, ігнорування видових та вікових особливостей.

LIOSHYNA L.G., BULKO O.V.
Institute of Cell Biology and Genetic Engineering of the NASU, Kyiv, Ukraine
e-mail: llioshina@ukr.net

ENHANCEMENT OF TRANSFORMATION AND REGENERATION EFFICIENCY IN *CUCURBITA* L. PLANTS USING ACYL-HOMOSERINE LACTONES

Plants of the genus *Cucurbita* L., belonging to the family Cucurbitaceae, are widely cultivated vegetable crops due to their high nutritional and medicinal value. Their biological activities include immunomodulatory, anti-inflammatory, antiviral, hepatoprotective, and geroprotective effects (Amin et al., 2019; Priori et al., 2017).

To enhance the agronomic and pharmacological potential of Cucurbita, molecular biotechnology methods are employed, primarily Agrobacterium-mediated transformation. However, the efficiency of target gene integration into the nuclear genome remains relatively low. The application of various approaches, such as using proximal cotyledon explants, vacuum infiltration, and optimizing seedling age, has increased transformation efficiency up (Nanasato Y, Tabei Y, 2020; Jing Fen et al., 2023).

A promising strategy to improve transformation efficiency involves the use of acyl-homoserine lactones (AHLs) – bacterial signaling molecules that regulate quorum sensing in Agrobacterium tumefaciens. AHLs activate the expression of virulence (vir) genes responsible for T-DNA transfer and enhance bacterial-plant interactions (Lang, Faure, 2014; Dessaux, Faure, 2018). Beyond interbacterial communication, AHLs can influence plant growth, development, and immunity by modulating phytohormonal signaling pathways (Schenk, Schikora, 2015).

Based on these insights, the present study investigated the effect of short-chain N-hexanoyl-L-homoserine lactone (C6-HSL) on Agrobacterium-mediated transformation and regeneration of three different zucchini cultivars – Zebra, Ranniy Krasunchik and Zolotynka – differing in fruit maturation time and coloration. C6-HSL was applied at a concentration of 10 μM during the subcultivation stage of explants co-cultivated with Agrobacterium and subsequent incubation on selective medium.

In the Zebra cultivar, the regeneration rate on medium containing AHL was 65% at the initial stage (two weeks post-transformation), decreasing slightly to 60,87% two weeks later. Conversely, in Ranniy Krasunchik, the regeneration efficiency was 33,33% initially but increased to 40% one month post-transformation. The most pronounced and sustained effect of AHL was observed in Zolotynka, where the regeneration percentage initially was 63,64% and later rose to 75%.

Thus, the addition of C6-HSL to the subcultivation and selection media positively influenced regeneration across all three cultivars; however, the pattern of regenerative response varied. In Zebra, the effect was pronounced early but diminished over time; in Ranniy Krasunchik, the response appeared later; and in Zolotynka, the effect persisted and intensified throughout the observation period. It was also established that the plant response to C6-HSL addition is cultivar-specific, as demonstrated by varying degrees of regeneration under its influence. Future work will focus on evaluating the impact of C6-HSL on transformation efficiency.

МАЮЛА Т.Г., ЯРМОЛЮК С.М.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна
e-mail: tarikmayula@gmail.com

ПРОГНОЗУВАННЯ НЕЙРОПРОТЕКТОРНИХ ВЛАСТИВОСТЕЙ СПОЛУК ПРИРОДНОГО ПОХОДЖЕННЯ ЗА ДОПОМОГОЮ МЕТОДІВ *IN SILICO*

Зростання психоневрологічних розладів, зокрема ПТСР, в умовах повномасштабної війни в Україні створює серйозну медико-соціальну проблему. Це обумовлює зростання попиту на засоби підтримки нервової системи. Рослинні препарати є придатними для тривалого застосування та перспективні у цьому напрямі. Однією з найбільш потенційно корисних рослин є *Scutellaria baicalensis* Georgi, що демонструє нейропротекторні та анксіолітичні властивості. Її основні флавоноїдні компоненти, здатні проникати через гематоенцефалічний бар'єр і впливати на нейромедіаторні системи, що робить шоломницю актуальним об'єктом фармакологічних досліджень.

Метою дослідження є розробка, оптимізація та апробація ефективних *in silico* моделей прогнозування нейропротекторних та анксіолітичних властивостей сполук природного походження.

Методика реалізації. Для побудови *in silico* моделей було сформовано датасет на основі біологічно активних сполук із бази даних ChEMBL за відповідними механізмами дії. Для вирішення задачі бінарної класифікації з метою формування двох класів сполук (активні – 1 та неактивні – 0) було розроблено три моделі машинного навчання, на основі алгоритмів: Random Forest, XGBoost, LightGBM. Загальну вибірку, що представлена набором з 687 сполук, з необхідними молекулярними дескрипторами, було розділено на навчальну та тестову у співвідношенні 80% на 20% відповідно. **Результати.** Побудовані класифікатори досягли точності 75–78%. Створено список найважливіших дескрипторів для кожної моделі, надійність яких підтверджена шляхом верифікації на наборі з 78 сполук, описаних у складі *S. baicalensis*. Із зазначеного набору 46 сполук були ідентифіковані як активні, щонайменше однією з моделей.

Висновки. Побудовані моделі дозволяють знизити потребу в *in vitro* та *in vivo* дослідженнях, а також скоротити час скринінгу. Дослідження підтверджує доцільність використання побудованих *in silico* моделей для прогнозування нейропротекторних та анксіолітичних властивостей. Це особливо важливо для менш досліджених лікарських рослин у контексті профілактики та підтримки при ПТСР і нервових розладах.

MIDLOVETS K. K.[1,2], VOLKOVA N. Ye.[1], PEKA M. Yu.[1,3]
[1]*V. N. Karazin Kharkiv National University, Kharkiv, Ukraine*
[2]*D. F. Chebotarev Institute of Gerontology, National Academy of Medical Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine*
[3]*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of the National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, Poltava, Ukraine*
e-mail: midlovetskon@gmail.com

CHARACTERISTICS OF WNT PROTEINS OBTAINED REVEALED BY *IN SILICO* METHODS

Wnt family proteins are secreted glycoproteins with a molecular weight of approximately 40 kDa and length of approximately 350 to 420 amino acid residues. The Wnt signaling pathway plays a key role in regulating diverse developmental processes, including body axis formation, morphogenesis, cell migration and proliferation, cell type specification, and tissue regeneration and repair. Investigating the structural and physicochemical properties of Wnt proteins is essential for elucidating their functions as key modulators of signaling pathways. However, current knowledge of their structural organization, physicochemical characteristics, and dynamic behavior remains limited and requires further clarification, particularly in light of the growing availability of experimentally determined three-dimensional protein structure data.

We employed a range of *in silico* tools to analyze human Wnt family proteins at multiple levels of structural organization (primary, secondary, and tertiary). Our analysis included assessment of amino acid group composition, calculation of various physicochemical indices, identification of signal peptides, prediction of secondary structure elements (α-helices and β-strands), modeling of three-dimensional structures, introduction of post-translational modifications, and molecular dynamics simulations.

This comprehensive *in silico* approach revealed several conserved features of Wnt proteins. Notably, all members of the family possess N-terminal signal peptides enriched in hydrophobic amino acids. *In silico* analysis of the primary structure revealed that WNT proteins are generally hydrophilic, but the introduction of palmitoleoylation as a post-translational modification renders these proteins hydrophobic. This physicochemical shift, reflected in changes to solubility, also influences the protein's tertiary structure and dynamic behavior. Structurally, Wnt proteins exhibit a characteristic two-domain architecture, with the N- and C-terminal domains forming shapes resembling "thumb" and "index finger," respectively. Molecular dynamics simulations demonstrated the ability of Wnt proteins to undergo conformational transitions and to exist in structurally distinct states with varying degrees of compactness.

In general, these findings contribute to a more comprehensive understanding of the structural and physicochemical properties of Wnt proteins, which is essential for clarifying their roles in signal transduction and developmental biology.

НАГОРНЮК Т. А., МАРІУЦА А. Е.
Інститут рибного господарства НААН, Київ, Україна
e-mail:mariutsa16@ukr.net

ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ АНТОНІНСЬКО–ЗОЗУЛЕНЕЦЬКОГО ВНУТРІШНЬОПОРОДНОГО ТИПУ УКРАЇНСЬКОЇ РАМЧАСТОЇ ПОРОДИ КОРОПА МЕТОДОМ ISSR-АНАЛІЗУ

Короп залишається провідним об'єктом вирощування в рибних господарствах України. Глибоке вивчення генетичних особливостей його різноманітних внутрішньопородних типів є фундаментом для успішної селекційної роботи.

Наше дослідження базувалося на аналізі племінного стада коропів, відібраного у 2024 році з господарства ТОВ «Меркурій» (Вінницька область). Завдяки застосуванню міжмікросателітного аналізу поліморфізму ДНК ми отримали цінні дані про генетичну структуру цих риб.

Для молекулярно-генетичного аналізу було відібрано зразки крові від особин антонінсько-зозуленецького внутрішньопородного типу коропа рамчастої породи. Відбір зразків крові у риб здійснювали стандартним способом із хвостової вени. За допомогою комерційного набору «Quick-DNA. MiniPrep Kit» («BioLabTech LTD», Україна) виділена ДНК. Ампліфікація проведена на ампліфікаторі «Termo scientific thermocycler» («Arktik Termal Cycler») з ISSR-маркерами за стандартною програмою ISSR-методу. Амплікони фракціонували методом електрофорезу у 2%-ому агарозному гелі в 1xTBE буфері з додаванням бромистого етидію. Обробка даних проведена з підтримкою загальновизнаних комп'ютерних програм «POPGENE 1.31» і спеціального макросу GenAlE×6 для «MS-Excel».

Проведено аналіз генетичної структури групи коропа української рамчастої породи антонінсько-зозуленецького внутрішньопородного типу на основі поліморфізму міжмікросателітних маркерів: A – $(CTC)_6C$; B –$(GAG)_6C$; C – $(AGC)_6G$; D – $(ACC)_6G$; E – $(AGC)_6C$. Сумарно за використання 5 ISSR-праймерів було отримано 138 продуктів ампліфікації, розміром від 280 до 1500 п.н. Найбільшу кількість поліморфних фрагментів одержано за використання праймеру C $(AGC)_6G$ – 37, у той час як за праймерами D $(ACC)_6G$ і E $(AGC)_6C$ була найменша кількість поліморфних фрагментів – 21. За праймером A діапазони ампліконів були у межах 430–1500 п.н. (33 фрагменти), за праймером B від 290 до 1365 п.н. (26 фрагментів), за праймером C – 280–1320 п.н. (37 фрагментів), за праймером D довжина становила від 355 до 1415 п.н. (21 фрагмент), за праймером E – 500–920 п.н. (21 фрагмент).

Проведено оцінку інформативності ISSR-праймерів у коропів. Загальна міра корисності маркерної системи була оцінена за допомогою маркерного індексу (MI): так, найбільше значення даного показника зафіксовано за локусом C – 5,13, а найменше – за локусом D – 2,9, із середнім значенням MI = 3,9. За обраними ISSR-локусами роздільна потужність (R_p) була найменшою за використання праймера D – 6,0; а за праймером C вона становила 10,9; у середньому R_p = 8,3.

Визначено алелі, що зустрічалися з високою частотою і продемонстрували специфіку генетичної структури рамчастої породи коропа антонінсько-зозуленецького внутрішньопородного типу за обраними ISSR-маркерами. Таким чином, було досліджено поліморфні генетичні ISSR-маркери коропа рамчастої породи антонінсько-зозуленецького внутрішньопородного типу. Вивчено ефективність обраних праймерів, які складалися з тринуклеотидних мотивів з одноякірним нуклеотидом на 3'-кінці, для оцінки поліморфізму генетичної структури дослідженої групи. Отримані результати також можуть бути використані для комплексної оцінки гетерогенності коропа антонінсько-зозуленецького внутрішньопородного типу.

ОПАЛКО А.І., ПОЛІЩУК В.В., ОПАЛКО О.А.
Національний дендрологічний парк «Софіївка» НАН України, Умань, Україна,
Уманський національний університет, Умань, Україна,
e-mail: opalko_a@ukr.net

ЗАВДАННЯ СЕЛЕКЦІЇ *EXOCHORDA* LINDL. ДЛЯ УРБАНІЗОВАНОГО СЕРЕДОВИЩА

У складі роду екзохорда (*Exochorda* Lindl.) родини шипшинових (*Rosaceae* Juss.) нині визнається лише один вид *Exochorda racemosa* (Fortune ex Lindl.) Rehder, з природним ареалом у середньо-азійських державах та регіонах Південно-Центрального й Південно-Східного Китаю, Маньчжурії і в Кореї. Його рослини представлені досить декоративно-привабливими листопадними чагарниками з простим блідо-зеленим листям і блюдце-подібними 5-пелюстковими красивими білими квітками у кінцевих суцвіттях, що цвітуть протягом 20–35 діб, починаючи з четвертої декади квітня.

Рід був описаний у 1858 році британським ботаніком Джоном Ліндлі (John Lindley, 1799–1865). Щодо внутрішньо-родового різноманіття, за морфологічними критеріями було виділено декілька досить близьких видів, унаслідок чого їхню кількість визначають по-різному. Свого часу авторитетний німецький дендролог Герд Крюссман (Johann Gerd Krüssmann, 1910–1980) у складі роду *Exochorda* розрізняв п’ять видів: *E. giraldii* Hesse., *E. korolkowii* Lav., *E.* × *macrantha* (Lemoine) Schneid., *E. racemosa* (Lindl.) Rehd. та *E. serratifolia* Moorem з двома підвидами *E. racemosa* subsp. *giraldii* (Hesse) F.Y.Gao & Maesen та *E. racemosa* subsp. *serratifolia* (S.Moore) F.Y.Gao & Maesen. Не заглиблюючись у деталі таксономії зазначимо, що в Україні екзохорда, а саме *E. korolkowii* згадується у першому списку рослин Нікітського ботанічного саду у 1890 році. Юрій Кобів у 2004 році для роду *Exochorda* наводить українську наукову назву *перлистка*, а для *E. korolkowii – перлистка садова*, яку доповнює народною назвою *китайська наречена*, що мабуть виникла завдяки суцвіттям, здебільшого білого кольору, з сортовими варіаціями рожевого й кремового.

Нині на рослини екзохорди можна натрапити майже в усіх ботанічних колекціях України, а також у складі насаджень загального та спеціального користування Києва, Вінниці, Одеси, Львова й інших міст. Садивний матеріал її сортів і форм пропонується багатьма розсадниками, однак за рівнями впровадження в озеленення екзохорду можна віднести до наразі недооцінених декоративних рослин з невикористаним великим потенціалом для селекції. З-поміж найбільш вагомих причин, що гальмують впровадження екзохорди, слід назвати недостатню адаптованість її іноземних сортів до умов урбанізованого середовища. Зокрема кущі екзохорди, хоча й не надто вибагливі до ґрунтів й дефіциту вологи та витримують умови зимівлі, однак можуть уражуватися комплексом збудників хвороб, що характеризуються в'яненням, відомими і на багатьох інших сільськогосподарських й декоративних рослинах під загальною назвою “вілт”.

Створений близько ста років тому сорт екзохорди 'The Bride' популярний у Європі дотепер. Не менш привабливі виведені пізніше: білосніжний сорт 'Niagara', що характеризується компактним габітусом, а також сорт 'Irish Pearl' з дуже довгими квітучими гілками, сорт 'Snow White' з чисто білими суцвіттями й вражаючий ніжно-рожевими квітами сорт “Blushing Pearl”.

Тож селекційне завдання поліпшення екзохорди включає в себе підвищення стійкості проти збудників хвороб зі збереженням й покращенням комплексу ознак загальної декоративності, а також створення перспективних для фармації сортів.

Сіянці екзохорди, отримані із зібраного у первинних ареалах, а іноді й у ботанічних колекціях насіння, можуть бути джерелом вихідного матеріалу при створенні нових сортів методами класичного штучного добору з включенням елементів природного добору й залученням технологій *in vitro* на послідовних етапах селекції.

ПІРКО Я.В.[1*], КОЗУБ Н.О.[1,2*], РАБОКОНЬ А.М.[1], БЛЮМ Р.Я.[1], ШИША О.М.[1], СОЗІНОВ І.О.[2], КАРЕЛОВ А.В. [1,2], СОЗІНОВА О.І.[1,2], КВАСКО А.Ю. [1], САХАРОВА В.Г. [1], ЄМЕЦЬ А.І.[1], БЛЮМ Я.Б.[1]

[1] ДУ «Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України», Київ, Україна;

[2] Інститут захисту рослин НААН, Київ, Україна,

**e-mail: yarvp1@gmail.com; natalkozub@gmail.com*

СТВОРЕННЯ ОЗИМИХ ЛІНІЙ М'ЯКОЇ ПШЕНИЦІ ЗІ СТІЙКІСТЮ ДО ВИСОКОВІРУЛЕНТНИХ РАС СТЕБЛОВОЇ ІРЖІ ЗА ДОПОМОГОЮ МАРКЕР-АСОЦІЙОВАНОЇ СЕЛЕКЦІЇ ШЛЯХОМ КОМБІНУВАННЯ *Sr* ГЕНІВ

Стеблова іржа, спричинена грибом *Puccinia graminis* **Pers., є серйозною загрозою для вирощування пшениці (***Triticum aestivum* **L.) в усьому світі, оскільки потенційні втрати врожаю можуть сягати 100% (Leonard & Szabo, 2005; McIntosh et al., 1995; Olivera et al., 2015). Поява і швидке поширення високовірулентних рас, таких як Ug99 (TTKSK) (Pretorius et al., 2000; Singh et al., 2011) і TKTTF (Olivera et al., 2019), підкреслюють необхідність створення генетично стійких ліній пшениці.** Одним із ефективних підходів до боротьби з хворобою є введення генів стійкості (*Sr* генів) у сучасні сорти пшениці. Зокрема це стосується генів *Sr2*, *Sr 33*, *Sr39*, *Sr40* та *Sr57 (Lr 34)*. Ген *Sr33*, отриманий від *Aegilops tauschii*, забезпечує широку стійкість, зокрема й до високовірулентної раси Ug99. Для створення озимої пшениці з геном *Sr33* було проведено схрещування між DH31 (яра пшениця канадської селекції з геном *Sr33*) і вітчизняними озимими сортами пшениці. За допомогою маркерного добору (MAS) з використанням маркера *Sr33A* (Іващук та ін., 2018) були відібрані стійкі рослини поколінь F_3–F_5. DH31 також вніс сприятливі алелі запасних білків (наприклад, *Glu-B1al*, *Glu-D1d*), пов'язані з високою якістю тіста. Аналіз урожайності не виявив зниження продуктивності через наявність гена *Sr33*, що робить ці лінії перспективними для селекції. Для розширення спектру стійкості також були введені гени *Sr39* та *Sr40* шляхом MAS у схрещуваннях за участю ліній RL5711 (*Sr39*) та RL6089 (*Sr40*). Було протестовано низку SSR- та генно-специфічних маркерів (наприклад, *Sr39#50*, *Sr39#22*, *Xwmc344*). Результати аналізу маркерів виявили нижчу частоту рослин з генами *Sr39/Sr40*, ймовірно, через знижену зимостійкість ліній з інтродукованим генетичним матеріалом до хромосоми 2B пшениці. Водночас, ці генотипи є цінними для створення сортів пшениці з широким спектром стійкості до стеблової іржи. Також проведено роботи із залучення до селекційної роботи сортів, що містять алелі стійкості генів *Sr2* та *Sr57* (*Lr34*). Серед озимих ліній, створених за участю канадського ярого матеріалу пшениці, виявлено генотипи з pseudoblack chaff (PBC – псевдочорні луски) – морфологічним маркером гена дорослої расо-неспецифічної стійкості до стеблової іржі *Sr2*, що було підтверджено за допомогою молекулярно-генетичних маркерів. Як свідчать результати генетичного аналізу, серед ліній від схрещувань DH-G76-54 x Зимоярка та DH31 x Мирхад, попередньо відібраних за присутністю гена *Sr33*, частота носіїв поєднання двох алелів стійкості генів *Sr33* та *Sr57* була низькою в матеріалі від обох комбінацій схрещування. Аналіз матеріалу предкових ліній F_4 DH31 x Мирхад, який містив генотипи як з *Sr33*, так і без нього, показав, що алель стійкості цільового гена *Sr33* був переважно асоційований з алелем нестійкості гена *Sr57*.

Робота виконана в рамках проєкту НФДУ 2021.01/0313 «Створення генотипів пшениці м`якої з генами стійкості проти високопатогенних рас стеблової іржі з використанням молекулярних маркерів як запорука харчової безпеки України».

ПЛИГУН В.В., АНТОНЮК М.З., ЄФІМЕНКО Т.С.,ТЕРНОВСЬКА Т.К.
Національний університет «Києво-Могилянська академія», Київ, Україна,
e-mail: v.plyhun@ukma.edu.ua

МІНЛИВІСТЬ ГЕНОМІВ ІНТРОГРЕСИВНИХ ЛІНІЙ *TRITICUM AESTIVUM / AMBLYOPYRUM MUTICUM* ЗА ДІЛЯНКАМИ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ ДО ПАТОГЕНІВ

Інтрогресивну гібридизацію використовують для покращення гексаплоїдної пшениці, яка культивується, за агрономічно-важливими ознаками, серед яких стійкість до патогенів. Відбувається залучення генетичної різноманітності близькоспоріднених видів пшениці, дикорослих родичів (King et al., 2022). Поєднання в одному ядрі послідовностей різного походження (пшеничного та від геному-донора бажаної ознаки) спричиняє геномну нестабільність або геномний / гібридний шок. Рівень нестабільності залежить від рівня відмінностей геномів донора та реципієнта. Проявами є активація мобільних генетичних елементів, хромосомні перебудови через події рекомбінації, зміна експресії генів та інші (Glombik et al., 2020). Через такі події відбувається стабілізація гібридного геному, яка може сприяти втраті цільової ознаки. Тому має бути контроль передачі послідовностей інтересу через використання доступних молекулярно-генетичних підходів.

Для роботи використано геномно-заміщений амфідиплоїд Авротіка (AABBTT, $2n=6x=42$), його гексаплоїдні інтрогресивні лінії T. aestivum/Am. muticum (серія tica), створені у 2014 році (Iefimenko et al., 2015). Лінії є п'ятим поколінням рослин від ініціального схрещування, отримані через запилення резистентної до збудника борошнистої роси Авротіки сортом пшениці м'якої Аврора (чутлива до *Bgt*). Оцінку рослинного матеріалу проводили у польових умовах за 9-бальною шкалою. Для вивчення мінливості ліній використали консервативні послідовності генів стійкості до патогенів різної природи, як маркерні, при поєднанні праймерів, які фланкують ці ділянки, у пари за методикою RGAP (Chen et al., 1998). Продукти ампліфікації розділяли у 1,9% агарозному гелі. Кластеризацію множини генотипів проводили у програмі STRUCTURE 2.3.4.

Стійкість до борошнистої роси була початковою ознакою інтересу, за якою виявили мінливість / нестабільність інтрогресивних ліній. Рослини, які виросли з зерна стійких інтрогресивних ліній (рослини F5), не були одноманітними за даною ознакою. П'ять ліній мали від 3 до 53% чутливих рослин. Нестабільність / мінливість ліній спостерігали як за оцінкою в польових умовах, так і на молекулярному рівні. Рослини аналізували за консервативними ділянками генів стійкості до патогенів різної природи (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (*Bgt*), цист нематод, *Pseudomonas syringae*, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae)*. Використовували праймери до ділянок, які кодують повтори, багаті на лейцин, домени з кіназною активністю, нуклеотидзв'язувальні домени. Через попарне співставлення спектрів «Авротіка – лінія», отриманих з 14 комбінаціями праймерів, лінії мають більшу кількість та варіабельність ампліконів (є / нема). Геноми інтрогресивних ліній різних поколінь мають різницю у спектрах за використання праймерів до ділянок, які кодують кіназні домени, лейцин-багаті повтори. Рослини більш пізнього покоління мають меншу кількість компонентів у спектрі. Це може вказувати на стабілізацію геномів ліній через втрату послідовностей, хоча би тих, за якими спостерігали. Під час кластеризації генотипів найбільш ймовірним є розподіл на дві підгрупи, тобто існує диференціація організмів за дослідними ділянками геномів. Через варіабельність ліній, під час передачі стійкості за їхньою допомогою, слід індивідуально працювати з рослинами (лініями та гібридами, створеними за їхньої участі) для прослідковування поведінки ознаки.

POPIRNY M. A.
National Scientific Center "Institute for Soil Science and Agrochemistry Research named after O.N. Sokolovsky", 4 Mykhailia Semenka str., Kharkiv, Ukraine,
e-mail: popirny@gmail.com

COMPARATIVE ANALYSIS OF DNA STRAND INTERACTION ENERGY IN PROMOTER REGIONS OF BACTERIAL GENOMES WITH DIFFERENT PHYLOGENETIC POSITIONS

The physical properties of DNA promoter sequences are crucial for understanding genome organization, gene expression regulation, and evolutionary processes. One such property, the energy of DNA strand interaction (DSI), may influence the binding affinity of enzymes and regulatory proteins to promoter regions. A known challenge in gene analysis is the asymmetric nucleotide composition between the leading and lagging DNA strands, affecting gene orientation. For example, in *B. subtilis*, approximately 75% of genes are located on the leading strand, whereas in *E. coli*, this figure is around 55%. This study aimed to analyze the DSI energy in the promoter regions (±200 p. n. from the transcription start site) of three bacterial species with varying phylogenetic distances (*E. coli*, *B. subtilis*, *S. typhimurium* – using genome data from the KEGG database). The minimum DSI energy, calculated via a sliding window algorithm, was used to identify site-specific regions within promoter zones.

The assessed mean DSI energy differed among all tested species, which was associated with differences in nucleotide frequencies between the leading and lagging DNA strands. The DSI energy was consistently lower in the pre-promoter region compared to the coding region, with the lowest values observed in the promoter region itself. In genes with direct (forward) orientation, the DSI energy was higher in the regions from –150 to +1 and +51 to +150, whereas genes with reverse orientation showed lower DSI energy in the –150 to +1 segment.

A statistical analysis using ANOVA of 50-nucleotide k-mers revealed significant differences in DSI energy among the three bacterial species ($p < 0.001$). Gene orientation also significantly influenced DSI energy ($p = 0.044$). Pairwise comparisons of species showed statistically significant differences in mean DSI energy in both gene orientations: (1) *S. typhimurium* vs. *B. subtilis*, (2) *S. typhimurium* vs. *E. coli*, and (3) *B. subtilis* vs. *E. coli*.

In the –200 to –1 region, *E. coli* and *S. typhimurium* displayed similar patterns of DSI energy distribution, while *B. subtilis* showed markedly lower mean DSI energy. This likely reflects the greater phylogenetic distance of *B. subtilis* from the other two species. Notably, reductions in DSI energy near the –55, –35, –10, and +6 nucleotide positions—sites crucial for transcriptional regulation—suggest a potential functional link between DSI energy and gene expression. The proposed approach—assessing DSI energy in genomes—represents a promising tool for identifying genotypic differences among organisms with distinct phylogenetic positions.

Analyzing DSI energy in asymmetric DNA strands presents a promising approach for identifying species-specific bacterial genomic features associated with there evolutionary distances. The similarity in DSI energy profiles between *E. coli* and *S. typhimurium*, and their contrast with *B. subtilis*, correlates with their phylogenetic relationships and may reflect functional genomic adaptations.

РАСПОПІНА А. С., МАТІЙЦІВ Н. П.
Львівський національний університет імені Івана Франка м. Львів, Україна,
e-mail: anastasiia.raspopina@lnu.edu.ua

ВПЛИВ СПЕРМІДИНУ НА НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНІ ЗМІНИ МУТАНТІВ ЗА ГЕНОМ *SWS CHEESE D. MELANOGASTER*

Нейродегенеративні процеси супроводжуються прогресуючою втратою нейронів і порушенням функціонального стану організму. Однією з найбільш досліджених мутацій, що викликає подібні зміни, є мутація гена *swiss cheese (sws)*, яка призводить до апоптозу нейронів і гіперогортання їхньої соми гліальними клітинами. Спермідин – ендогенний поліамін, що бере участь у регуляції аутофагії, антиоксидантного захисту та клітинного гомеостазу, розглядається як потенційний нейропротектор.

Метою дослідження було оцінити вплив спермідину на прояви нейродегенеративного фенотипу в мутантів sws^1 *Drosophila melanogaster* у порівнянні з особинами дикого типу *Oregon-R*.

У межах дослідження проводили визначення тривалості життя, для аналізу поведінкових реакцій було застосовано модифікований тест на негативний геотаксис для оцінки рухової активності, та капілярний тест для визначення смакової поведінки. Аналіз фенотипових змін тканин мозку здійснили шляхом виготовлення гістологічних зрізів.

Встановлено, що спермідин у концентрації 5 мМ скорочує тривалість життя як у мух дикого типу, так і у sws^1-мутантів, тоді як нижчі концентрації (0,5 і 1 мМ) підвищують виживаність лише в мутантів sws^1. Рухова активність у дикого типу залишалася незмінною, натомість у мутантів sws^1 при 5 мМ спермідині суттєво знижувалась, що співпадає зі зменшенням тривалості життя. Тест на смакову поведінку виявив її порушення у мутантів в порівнянні з диким типом, а споживання спермідину привело до відновлення сприйняття смаку. Морфологічний аналіз не показав зменшення зон дегенерації у тканині мозку мутантів при застосуванні найвищої концентрацій спермідину. Та за концентрації 0,5 мМ ми виявили деяке зменшення розміру нейродегенеративних вакуолей.

Спермідин має потенціал як нейропротектор за умов оптимальної концентрації, що забезпечує покращення функціонального стану при генетично обумовлених нейродегенеративних змінах.

ROMANOV S.O., LYZAK O.O., TSYRULNUK A.O., DZANAIEVA L.S., FAYURA L.R., FEDOROVYCH D.V., SYBIRNYY A.A., DMYTRUK K.V.
Institute of Cell Biology NAS of Ukraine, Lviv, U kraine
e-mail: sergij8romchyk@gmail.com

THE IRON-SPECIFIC COMPLEX REGULATORY NETWORK LIES BEHIND THE RIBOFLAVIN OVERPRODUCTION IN THE YEAST *CANDIDA FAMATA*

Riboflavin (RF, vitamin B2) is produced in industrial quantities. Vitamin B2 is used as a feed additive in agriculture, as a natural dye in the food industry, for food fortification, and in medicine. In recent decades, RF has been produced by biotechnology using the bacteria *Bacillus subtilis,* fungi of the genera *Ashbya* and *Eremothecium*, and the yeast *Candida famata*. Although the metabolic pathway of RF biosynthesis is well established in various yeast species, relatively little is known about its regulation. *SEF1*, a gene considered to be a key regulator of flavinogenesis in the yeast *C. famata*, encodes the transcription factor Sef1, which activates RF overproduction under conditions of iron deficiency in the medium. Other genes potentially involved in the regulation of flavinogenesis in *C. famata* include *MET2* (encoding homoserine-O-transacetylase), *SEF2* (encoding a transcription factor), and the structural biosynthesis gene *RIB3* (encoding a deaminase), as mutations in these genes have been *identified* in the RF-overproducing strain AF-4. However, the detailed mechanisms of action of these genes remain unclear.

We have developed a yeast-one-hybrid system in *Saccharomyces cerevisiae* to investigate the role of *SEF1* in the activation of structural genes of RF biosynthesis in *C. famata*. *S. cerevisiae* was transformed with two plasmids: the first contains the *LAC4* reporter gene of *Kluyveromyces lactis* (encoding β-galactosidase) under the control of the promoter of one of the structural genes of RF biosynthesis (*RIB1-RIB7*); the second – the *SEF1* gene under the control of the *GAL1* promoter, which is induced by the addition of galactose to the medium. The resulting strains were grown on a medium with galactose for Sef1 induction and the β-galactosidase activity observed in the case of the interaction of Sef1 with the promoters of the *RIB1-7* genes was determined. The results obtained indicate that Sef1 activates the expression of the *RIB1* gene by interacting with the sequence TAAAAATCCGAACCCCGG within the promoter. Replacement or deletion of this sequence leads to the loss of β-galactosidase activity. Sef1 also activates the promoters of the *RIB3, RIB5, RIB6, RIB7* genes, but not *RIB2.*

Additionally, we have analysed the changes of the expression of the structural genes of RF biosynthesis upon overexpression of *SEF1* gene to prove the specific role of Sef1 as the key transcriptional activator in the *C. famata* yeast under iron starvation. The results suggest the strongest increase of the expression of *RIB7* gene, reaching 2,5-fold compared to control. The expression of the genes *RIB1, RIB3, RIB5, RIB6* increased 1,3-fold, 1,5-fold, 1,8-fold, 1,3-fold, respectively. The gene *RIB2* did not demonstrate a significant change of its expression.

To study the involvement of the *MET2, SEF2*, and *RIB3* genes in the regulation of RF biosynthesis, their expression under the control of their own or a strong *TEF1* gene promoter was enhanced in the wild-type VKMY-9 strain of *C. famata*. The introduction of an additional copy of the *RIB3* gene led to an increase in RF production by 1.5-3 times compared to the original strain. Overexpression of the *MET2* gene did not affect the flavigenic activity of C. famata. When the *SEF2* gene was expressed under the control of the *TEF1* promoter, a 5-fold decrease in RF production was observed. The results obtained indicate the participation of the *SEF2* gene in the negative regulation of RF biosynthesis in *C. famata*.

The work was performed with the support of the National Research Foundation of Ukraine, project 2023.03/0035.

SAIENKO A. M.[1], PEKA M. Yu.[1,2], BUSLYK T. V.[3], TSERENIUK O. M.[1]
[1]*Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of NAAS, Poltava, Ukraine*
[2]*V. N. Karazin Kharkiv National University, Kharkiv, Ukraine*
[3]*Institute of Animal Biology of NAAS, Lviv, Ukraine*
e-mail: saenko_artem@meta.ua

GENETIC DIFFERENCES BETWEEN PIG BREED POPULATIONS IN INDIVIDUAL MISSENSE VARIANTS OF THE *TERT* GENE

The telomerase complex comprises two principal components: telomerase RNA, encoded by the *TERC* gene (Telomerase RNA Component), which serves as a template for the synthesis of telomeric repeats; and telomerase reverse transcriptase, encoded by the *TERT* gene (Telomerase Reverse Transcriptase), which carries out the enzymatic function of the complex. Previous studies have demonstrated that mutations in these human genes influence telomerase activity, thereby affecting telomere length and the biological aging process. However, the polymorphism of these genes in farm animals remains poorly investigated.

In the present study, we examined the polymorphism of the *TERT* gene in several pig breeds. Specifically, we analyzed the missense variants rs698799571 and rs706045634, which result in amino acid substitutions Y159F and R201P in the N-terminal (TEN) domain; rs325294961, which causes the R354G substitution in the telomerase RNA-binding domain (TRBD); and rs705602819, which results in the R629W substitution in the reverse transcriptase domain (RTD).

Based on allele frequency distributions for these four variants, clustering analysis and the calculation of genetic distances were conducted among the following pig breeds: Pietrain, Meishan, Duroc, Large White, Large Black, and Vietnamese Pot-bellied Pig. The analysis revealed that Duroc, Large White, and Large Black form one genetic cluster, while Meishan and Pietrain form a separate cluster. The Vietnamese Pot-bellied Pig exhibited the greatest genetic distance from all other breeds and did not cluster with any of them. These findings suggest that *TERT* gene polymorphism as a phylogenetic marker can be used to assess genetic relationships among pig breeds and, in particular, highlight the distinctiveness of the Vietnamese Pot-bellied Pig from European breeds.

Future research may focus on establishing associations between *TERT* gene variants and economically important traits in pigs, such as viability, resilience, aging rates, reproductive performance, and meat productivity.

SHCHERBAK N.L.[1], HOLUBENKO A.V.[1,2], DZUH M.S.[1,2], PARII M.F.[1,2]
[1]*Institute of Cell Biology and Genetic Engineering of NAS of Ukraine, 03143, Kyiv, 148 Zabolotnogo Str.*
[2]*Ukrainian Scientific Institute of Plant Breeding, 03022, Kyiv, 32 Vasylkivska Str.*
e-mail: shcherbaknatalka@gmail.com

GENETIC TRANSFORMATION OF UKRAINIAN VARIETIES OF SOYBEAN

Soybean (*Glycine max*) is one of the most important agricultural crops in the world. Soybean seeds are a source of high-quality protein, essential fatty acids, isoflavones, and other biologically active compounds. Due to its economic significance, this crop has become the subject of numerous studies aimed at its genetic modification. Despite advancements, the efficiency of soybean transformation remains lower compared to many other crops. The main challenges include genotype-specific regeneration and generally low transformation efficiency in this species.

The aim of our study was to select regeneration media and optimize the transformation protocol for Ukrainian soybean varieties.

In vitro regeneration experiments were conducted using cotyledons from one-week-old aseptic soybean seedlings of 10 different varieties. The nutrient media used in this work were based on MS macro- and micronutrients, supplemented with varying concentrations of micronutrients and growth regulators. For genetic transformation, a vector was constructed containing a selectable gene *bar* conferring resistance to phosphinothricin, as well as two reporter genes: *zsgreen* and *gus*. This vector allowed us to assess transformation efficiency via visualization of reporter gene expression.

Genetic transformation was carried out using *Agrobacterium tumefaciens* strains GV3101, LBA4404, and LBA4404 with the accessory virulence plasmid. Following transformation, stepwise selection was performed on phosphinothricin-containing media at concentrations of 5 and 7 mg/L. Instead of agar, Phytagel was used in the selection medium, as impurities in agar reduced the selective pressure of phosphinothricin.

As a result of the conducted experiments, regeneration conditions were optimized for 10 different soybean varieties. The most effective medium contained a fourfold concentration of MS micronutrients and 9 mg/L of 6-benzylaminopurine (BA). Based on visualization of reporter gene expression in explants and regenerants, it was determined that the highest transformation efficiency was achieved using *A. tumefaciens* strain GV3101.

ЩЕРБАТЮК Т.Г.
Київський національний університет технологій та дизайну, Київ, Україна
e-mail: shcherbatiuk.th@knutd.edu.ua

«СТЕЖКАМИ ВІДАТНОГО ЗЕМЛЯКА-НАУКОВЦЯ»: ДО 125-РІЧЧЯ ВІД НАРОДЖЕННЯ ДОБРЖАНСЬКОГО ФЕОДОСІЯ ГРИГОРОВИЧА

Як писав Голда Д. М., «Історія науки спрямована не на минуле, яке ми не в змозі змінити, а в майбутнє, яке залежить від наших думок та подій».

Феодосій Григорович Добржанський (25.01.1900 – 18.12.1975), один із засновників синтетичної теорії еволюції, народився 125 років тому в м. Немирів, нині Вінницької області. Закінчив Київський університет (1921). Працював викладачем зоології агрономічного факультету Київського політехнічного інституту. Ходімо його стежками по українські землі, чи побачимо ми ознаки, що його пам'ятають, пишаються його величчю в ювілейний рік? На превеликий жаль, ні…

Феодосій Григорович Добржанський відомий як основоположник американської школи популяційної генетики. Робота Ф. Г. Добржанського «Про географічну й індивідуальну мінливість *Adalia bipunctata* та *A. decempunctata*" стала відправною точкою в розвитку геногеографії та аналізу зміщень частот поліморфних ознак у географічних популяціях, інші роботи, зокрема «Про будову статевого апарату деяких мутантів *Drosophila melanogaster*", – задали вектор у вивченні механізмів репродуктивної ізоляції генетично відмінних форм. Ці та подібні праці були провісниками розвитку синтетичної теорії еволюції, як синтезу генетики, морфології та філогенетики.

Другий рік поспіль ініціативна група працівників Київського національного університету технологій та дизайну, започаткувавши освітньо-науково-культурологічний проєкт «Стежками видатних земляків-науковців», пропонує нову форму представлення та поширення науково-культурної інформації, насамперед для студентської молоді.

Експедиція до батьківщини Феодосія Григоровича Добржанського в Немирів (https://knutd.edu.ua/pod-ta-publkats/news/18370/), на жаль, встановила відсутність зацікавленості з боку адміністрації міста, та на щастя, небайдужість місцевих самородків, діамантом серед яких є Денисенко Микола Федорович, педагог, журналіст, член спілки журналістів України, краєзнавець-дослідник, етнограф, письменник, поет, поет-пісняр, лауреат літературно-мистецької премії імені Марка Вовчка, спеціаліст-експерт з культурної спадщини, туристичної та музейної справ.

Ми з оптимізмом розглядаємо перші результати співпраці: Денисенко М. Ф. взяв участь у семінарі КНУТД «Міжнародний день ДНК – 2025», присвяченому 125–річчю з дня народження Добржанського Феодосія Григоровича з доповіддю «Рід Добржанських XVIII – XX ст. Місто Немирів – батьківщина Добржанського Феодосія Григоровича» (https://knutd.edu.ua/pod-ta-publkats/news/18388/).

З 1927 року життя Ф. Г. Добржанського було пов'язане із Сполученими Штатами Америки. Про цей період діяльності розповів на семінарі Роман Широков, голова медико-біологічної секції Наукового товариства «Shevchenko Scientific Society», співзасновник «Genetics Club», доцент кафедри фармакології, фізіології та нейронауки Ратгерського університету, Нью-Йорк, США.

Є можливість зануритись в історію, але чи вистачить сил поширити історію у сьогоденні: розробити маршрут, пов'язаний з життєписом ученого; створити арт-об'єкт, зацікавити світове товариство біологів на Добржаський–фест до Немирова, час покаже.

ШКУРОПАТ А.В., ЖИДКО А.В.
Херсонський державний університет, Херсон, Україна
e-mail: nastya@ksu.ks.ua

РОЛЬ ПОЛІМОРФІЗМІВ ГЕНУ CD36 У ФОРМУВАННІ ІНДЕКСА МАСИ ТІЛА

CD36 є рецептором-транспортером класу B для окислених та нативних ліпопротеїнів та жирних кислот, що широко експресується клітинами організму, зокрема в тромбоцитах, макрофагах, клітинах кишечника, ендотелії, гладких міоцитах, адипоцитах, скелетних м'язових волокнах, кардіоміоцитах та має широкий спектр функцій. Він здатен транспортувати та зв'язувати довголанцюгові жирні кислоти, бере участь в імунологічному розпізнаванні, запалення, клітинній адгезії. Рівень CD36 збільшується у відповідь на інсулін та м'язове скорочення. Накопичені в літературі дані свідчать про те, що CD36 бере участь у поглинанні жирних кислот м'язовими та жировими клітинами і його поліморфізми можуть викликати різні метаболічні захворювання та впливати на індекс маси тіла. Білок CD36 був знайдений на клітинах смакових рецепторів, а окремі дослідження показують, що поліморфізми гену впливають на сприйняття жирів у їжі. Окрім того, CD36 впливає на програму диференціювання адипоцитів з преадипоцитів.

CD36 у тонкому кишечнику відіграє важливу роль у всмоктуванні харчових жирів та холестеролу, формуванні в подальшому хіломікронів. Daisaku Masuda та співавт. (2009) показали, що особи із дефіцитом CD36 мали підвищені залишки хіломікронів в плазмі крові через посилений синтез ліпопротеїнів, а миші із нокаутованим геном CD36 виявили підвищене поглинання окислених ліпопротеїнів низької щільності. Наявність транслокази CD36 була показана у клітинах вентромедіального гіпоталамуса як важливий фактор нейрального сприйняття довголанцюгових жирних кислот і регулятора гомеостазу глюкози та енергетичного балансу. Штами мишей CD36-null демонстрували захист від розвитку атеросклерозу, індуваного дієтою.

Гомозиготні особи-носії алелю rs3840546 в середньому мали вищий індекс маси тіла (ІМТ) за гетерозиготних носіїв та осіб без зазначеного алеля. Stewart та інші (2010) продемонстрували, що особи із підвищеною чутливістю до харчових жирів мали нижчі ІМТ. Було досліджено, що окремі поліморфізми CD36 мали зв'язок із збільшеним ІМТ у європейських підлітків (rs3211867, rs3211883, rs3211908 та rs1527483), дорослих корейців (rs75326924) та європейців (s9784998, rs3211883, rs3211908 та rs3211956). Рівень транслокази CD36 знижений у осіб із синдромом Прадера-Віллі, що пов'язують зі зміною контролю гомеостазу ліпідів та ненаситним голодом у таких осіб. Pravenec M. та ін. надали докази, що дефіцит транслокази впливає на розвиток резистентності до інсуліну та порушень метаболізму жирних кислот. Навпаки, SNP rs3211938 був пов'язаний зі зниженим ризиком виникнення метаболічного синдрому. Підвищений рівень CD36 спостерігався у ліпідно-асоційованих макрофагів вісцеральної жирової тканини людей з ожирінням. Механізм впливу CD36 на ІМТ остаточно не з'ясований. Припускають, що транслоказа жирних кислот CD36 як рецептор-транспортер впливає на метаболічну доступність жирних кислот.

Все вищезазначене свідчить про те, що транслоказа CD36 впливає на метаболізм ліпідів, їх доступність і, як наслідок, на ІМТ. Ген CD36 може слугувати мішенню в лікуванні метаболічного синдрому, корегуванні ІМТ, профілактики розвитку атеросклерозу та серцево-судинних захворювань.

ТЕЛЕГЄЄВ Г. Д., ШВАЧКО Л. П., ДИБКОВ М. В., АНТОНЕНКО С. В., ГУРЯНОВ Д. С.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна,
e-mail: g.d.telegeev@imbg.org.ua

ПРОТЕЇНФОСФАТАЗА 2А (PP2A): БАЛАНС КІНАЗНО-ФОСФАТАЗНОЇ РЕГУЛЯЦІЇ ТА ПЕРСПЕКТИВИ ЦІЛЬОВОЇ ТЕРАПІЇ

Посттрансляційна модифікація протеінів є характерною ланкою реалізації їх біологічної функції. У цьому процесі фосфорилювання є найпоширенішою посттрансляційною модифікацією білків. Його значення відображається в просторі, виділеному в геномі для кіназ. Гени для понад 500 кіназ були ідентифіковані у людини, що становить 1,7% усього геному. Функціонування клітини значною мірою визначається балансом активності кіназ і фосфатаз. Порушення цього балансу є патогенетичною основою багатьох захворювань – метаболічних, нейродегенеративних а також онкологічних. Встановлено важливу роль фосфатаз, зокрема протеїнфосфатази 2А (PP2A), у розвитку різних захворювань. PP2A належить до серин-треонін-фосфатаз і разом із PP1 відповідає за ≈ 90% їхньої активності в еукаріотичних клітинах. Вона функціонує як гетеротримерний комплекс, який складається з трьох субодиниць: каркасної субодиниці A (PP2Aa або PP2A-A), каталітичної субодиниці C (PP2Ac або PP2A-C) та регуляторної субодиниці B (PP2Ab або PP2A-B). Як PP2Aa, так і PP2Ac, мають дві ізоформи (α та β), причому переважно експресується α-ізоформа. Субодиниця B має 15 генів, які можуть сплайсуватися для кодування 26 регуляторних субодиниць загалом. Це дозволяє утворення до 100 варіантів голоферментів, що визначає специфічність дії PP2A за субстратом і локалізацією (ядерна, цитоплазматична, примембранна) тощо. Фосфатаза бере участь у багатьох сигнальних шляхах (Wnt, mTOR, PI3K-Akt, MAPK), контролі клітинного циклу (G1→S), синтезі ДНК та ініціації мітозу. Зниження активності PP2A асоціюється з розвитком різних захворювань. При нейродегенеративних захворюваннях, таких як хвороба Альцгеймера, порушення фосфатазної активності призводить до гіперфосфорилювання Тау-білка (MAPT), що сприяє нейродегенерації. У онкології, зниження активності PP2A сприяє неконтрольованій проліферації клітин та виживанню пухлинних клітин. Інгібування функції PP2A, часто зумовлене аберантною експресією ендогенних інгібіторів (SET, SETBP1, CIP2A), сприяє розвитку патології. Їх детекція може виступати маркером пухлинного процесу, а блокада – відновлювати активність PP2A та пригнічувати кіназну активність. Стратегія використання фосфатази PP2A при певній патології може передбачати наступне: визначення рівня активності ферменту, детекція варіантів B субодиниці (субстратна специфічність), розробка специфічних модифікаторів.

Розуміння структурної організації та механізмів регуляції PP2A відкриває нові можливості для розробки терапевтичних стратегій, спрямованих на реалізацію. її активності. Подальші дослідження в цій галузі можуть призвести до створення ефективних методів лікування онкологічних та інших захворювань, пов'язаних з дисфункцією PP2A.

ТКАЧУК З.Ю.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна
e-mail: ztkachuk47@gmail.com

ЕТИКА ЕРВІНА ЧАРГАФФА І СУЧАСНИЙ СТАН УКРАЇНСЬКОЇ НАУКИ

Професоро Ервін Чаргафф, народжений в Україні видатний біохімік, який залишив глибокий слід в історії науки. Він відомий не лише своїми відкриттями в галузі нуклеїнових кислот, а й етичними засадами, які сповідував. Його ідеї про відповідальність вченого, межі втручання науковця в природу та моральні ризики наукового прогресу залишаються надзвичайно актуальними, особливо в наш час створення «дзеркальних» вірусів і мікроорганізмів, редагування людського геному і т.п. Особливо вони актуальні для сучасної української науки, що перебуває на перехресті трансформацій, викликів і боротьби за ідентичність.

Основні етичні принципи професора Е. Чаргаффа: відмова від редукціонізму, а саме, що життя не можна звести до хімічних формул чи механізмів; критика наукового технократизму, коли науковий прогрес використовується лише для технологічного зростання без врахування моральної оцінки наслідків наукових відкриттів для людини і людського суспільства. Він підкреслював значення моральної відповідальності науковця за створені ним знання; розуміння того, до чого ці знання можуть призвести.

Особливо етика професора Чаргаффа важлива для української науки, яка стикається з безпрецедентними викликами. Це і недофінансування фундаментальної науки в умовах війни, гонитва за формальними показниками, коли кількість статей важливіша за їхню якість та етичність змісту. Формальне запозичення закордонних методів управління наукою і освітою без незалежної оцінки їх ефективності в українських умовах. Залежність від зовнішніх донорів та тематики, не завжди пов'язаної з національними потребами. Його заклики до стриманості та поваги до життя є особливо актуальні під час війни. Незалежність науки в умовах інформаційної війни, коли важливо формувати власні наукові пріоритети та стандарти. Особливо в цей жорстокий воєнний час етика і гуманізм повинні допомагати українським вченим залишатися людяними, захищати гідність людини та служити суспільному добру.

У час, коли наука дедалі більше нагадує змагання за кількість цитувань, а лабораторії стають придатками до індустрій, ім’я Ервіна Чаргаффа дає нам правильний напрямок для дії. Його етика виглядає «архаїчною», але, можливо, саме вона є тим, чого нам так не вистачає. З владних кабінетів молодь часто чує: «Тобі потрібно більше публікацій», «Шукай грант», «Маєш підлаштуватися під тему». Але мало хто запитує, а чи справді ця тема потрібна Україні? А чи не шкодить цей грант нашому суспільству? Е. Чаргафф закликав думати не лише про результат, а й про його наслідки. Він не вірив у «нейтральну» науку, бо кожне знання має наслідки. В умовах війни українська наука і українські вчені мають унікальний шанс переосмислити себе. Вона може перестати бути лише сировиною для обслуговування зовнішніх наукових ринків і стати національною моральною інституцією. А Е. Чаргафф при цьому стає союзником, який закликає до відповідальності, гуманізму, до служіння правді і своєму народу. Отже етика Е. Чаргаффа може допомогти українській науці не лише вистояти, а й віднайти свій унікальний голос у глобальному науковому просторі.

ТКАЧУК З.Ю.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна
e-mail: ztkachuk47@gmail.com

КОНЦЕПЦІЯ СТВОРЕННЯ АФІ З ПРОТИВІРУСНОЮ І ПРОТИБАКТЕРІАЛЬНОЮ АКТИВНІСТЮ

Високопатогенні віруси та бактерії викликають пандемії, що робить їх відповідальними за високий рівень смертності та великі економічні збитки. До сучасних противірусних і протибактеріальних препаратів, через високий рівень мутагенезу, розвивається резистентність. Нами запропонована нова концепція створення високоефективних противірусних і протибактеріальних препаратів на основі протонованих нуклеотидів (ПН). Користуючись своєю високою ліпофільністю, ПН краще проникають у клітину, де створюється їх надлишок, який призводить до активації енергетичного сенсору AMPK для еукаріотів та їх аналогу у бактеріях. Також утворюється надлишок секонд-месенджерів (CAMP, c-di-AMP, c-di-GMP, (p)ppGpp, cGMP). У результаті організм «пригальмовує» реплікацію і ростові програми. ПН змінюють конформацію білків та рецепторів клітин, що забезпечує блокування проникнення вірусів у клітину і лізис бактерій. В основі механізму дії ПН лежить взаємодія і протон-іонний обмін між протонами (П) і білками та рецепторами. Внаслідок подвійного тиску (енергетичний + сигнальний) проявляється лікувальна та профілактична ефективність ПН супроти вірусів і бактерій. Їм складно виробити стійкість до таких препаратів. ПН мають вищу біодоступність, що надає їм дуже важливі фармакологічні властивості.

Для більшості вірусів механізм зараження клітини передбачає утворення ендосоми, де протонні насоси (V-ATPase) закачують протони (H^+) в ендосому, знижуючи її pH до (~5.0–4.5). В кислому середовищі змінюється конформація вірусних білків, надаючи їм форму, яка забезпечує злиття мембран та вивільнення РНК вірусу в цитоплазму. Основний механізм протибактеріальної дії закладений у фагоцитах і подібний до ендосом вірусів. Вплив ПН на фагоцити призводить до буферизації pH, що, в свою чергу, призводить до зміни конформації та активності гідролаз, а також активності інших ферментів. Вони також впливають на сигналізацію, і модифікації ендоцитозу. Протоновані нуклеотиди порушують роботу V-ATPase, а також впливають на транспорт нуклеотидів через мембрану за рахунок впливу на роботу ENT/CNT транспортерів. Це найчутливіші стадії в метаболізмі вірусів і бактерій.

Чому механізм ПН «працює на два фронти», проти вірусів і бактерій? Вони краще проникають в клітину, де створюють надлишок ПН, який призводить до активації енергетичного сенсору AMPK для еукаріотів та їх аналогу у бактеріях. Внаслідок цього відбувається утворення секонд-месенджерів (CAMP, c-di-AMP, c-di-GMP, (p)ppGpp, cGMP). Коли їх забагато, організм «пригальмовує» реплікацію чи ростові програми. Внаслідок подвійного тиску (енергетичний + сигнальний) проявляється лікувальна та профілактична ефективність ПН проти вірусів і бактерій. Щодо вірусів, то ПН через AMPK гальмують mTOR, синтез ліпідів і NF-κB/p38-запалення та зривають збирання і вихід віріонів. У випадку бактерій, при дії ПН відбувається деполяризація мембрани, дисбаланс ц-ді-АМФ і ц-ді-ГМФ, падіння АТФ-, ГТФ-ресурсів та придушення експресії токсинів.

Отже, протоновані МНТ поводяться як “енергетичні саботажники”, а саме, швидко проникають через мембрану, піднімають внутрішній рівень АМФ, ГМФ і інших МНТ, руйнують мембранний потенціал і запускають глобальну реакцію «режиму економії», що, природно, гальмує ріст вірусу і бактерії.

ЦИБРОВСЬКА Н.В., ОПАЛКО О.А., ГРАБОВИЙ В.М., ОПАЛКО А.І.
Національний дендрологічний парк «Софіївка» НАН України, Умань, Україна
e-mail: opalko_a@ukr.net

МОБІЛІЗАЦІЯ ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ *GINKGO* L. ДЛЯ СЕЛЕКЦІЇ

У складі єдиного в родині *Ginkgoaceae* Engl роду *Ginkgo* L. нині визначають лише один вид — *Ginkgo biloba* L., з досить консервативним геномом. *G. biloba* вважається найстарішою реліктовою рослиною з-поміж усіх нині існуючих видів голонасінних. Переважна більшість його представників наприкінці пліоцену й на початку плейстоценових циклів зледеніння і дегляціації вимерли в усьому світі, за винятком окремих льодовикових рефугіумів південно-східного Китаю, де залишилося лише декілька популяцій, з яких унаслідок тривалої диверсифікації та філогенетичного розщеплення й сформувався сучасний генофонд виду. Однак, навіть у цих ареалах внутрішньовидове генетичне різноманіття залишалося невисоким упродовж тривалого часу.

Приблизно в першій половині вісімнадцятого сторіччя дерева гінкго були інтродуковані у ботанічні сади Європи, а через декілька десятиріч завезені у Північну Америку. З початку дев'ятнадцятого сторіччя гінкго почали культивувати у Краснокутському акліматизаційному саду, Кременецькому й Нікітському ботанічних садах, а невдовзі й в усіх ботанічних садах і дендропарках України.

G. biloba – це дводомна вітрозапильна рослина з числом хромосом у соматичних клітинах $2n = 24$ і вираженим статевим диморфізмом. Генетичні основи визначення статі у *G. biloba* недостатньо вивчені дотепер, хоча є повідомлення різних авторів про системи статевих хромосом XY та ZW, а також про чоловічу гетерогаметію, тож пошуки способів визначення положення статевого локусу на генетичних картах тривають. Потреба у ранній діагностиці статі культивованих *G. biloba* зумовлена істотною різницею між зрілими жіночими та чоловічими особинами як за морфологічними ознаками й фізіологічними особливостями, так і за практичним використанням. Чоловічі особини частіше застосовуються у декоративному садівництві, можуть бути перспективним джерелом сировини для фармації, натомість жіночі – необхідні переважно для насіннєвого розмноження, хоча в деяких країнах (Китай, Корея й Японія) традиційно цінують смак горіхів *G. biloba*, незважаючи на їхній специфічний пікантний запах. У дорослому віці чоловічі й жіночі особини розрізняють за репродуктивними органами, однак мікро- та мегастробіли, зазвичай не формуються допоки дереву не виповнюється близько 25–30 років.

Поглиблені дослідження різноманіття насіннєвих популяцій *G. biloba* у Національному дендрологічному парку «Софіївка» розпочалися з 2002 року, хоча перші його рослини були висаджені ще наприкінці 19-го сторіччя. Зібране протягом жовтня–листопада насіння *G. biloba* характеризувалося достатньою для селекційно-генетичних досліджень життєздатністю з розтягнутою у часі схожістю, що без стратифікації й будь-яких інших додаткових технологічних заходів досягала 50–85%.

Завдяки незаперечній декоративній і лікарській цінності та витривалості щодо стресових умов урбанізованого середовища популярність *G. biloba* останніми десятиріччями у провідних державах світу різко зросла, що стимулювало молекулярно-генетичні дослідження й активізувало селекційну практику. Нині відомо вже понад двісті виведених впродовж останніх тридцяти років сортів, десять з яких вивчається в колекційному саду НДП «Софіївка» разом із сіянцями власної селекції. Наразі як вихідний матеріал нами використовуються популяції сіянців з насіння зібраного з дерев у історичній частині парку і в різних ботанічних садах, дендропарках та ботанічних колекціях університетів України. Перспективи подальшої селекції очікуються в активізації пошуку спонтанних генних мутацій, а також гаплоїдів, зокрема диплоїдизованих, і поліплоїдів, з використанням *in vitro* технологій.

ТВАРДОВСЬКА М.О., АЛХІМОВА О.Г., КУНАХ В.А.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна
e-mail: maryana.tvardovska@gmail.com

ДОСЛІДЖЕННЯ ГЕНОМУ РОСЛИН МЕТОДОМ FISH

Флуоресцентна гібридизація *in situ* (FISH) – важливий інструмент для ідентифікації хромосом у багатьох видів рослин, а також метод фізичного картування генів. Ця технологія дозволяє візуалізувати генетичні зміни в клітині та отримати відповіді на запитання, пов'язані з структурою, мутаціями та еволюцією не лише окремих хромосом, але й цілих геномів, а також з експресією генів. В якості маркерів найчастіше використовують як повторювані послідовності ДНК, так і унікальні видоспецифічні ділянки геномів.

Нами проведено FISH аналіз багатьох видів рослин, зокрема триби *Triticeae* (пшениця, жито, ячмінь та їхні дикі предки), які є монофілетиками, тобто мають однакове основне хромосомне число x=7, а також інших однодольних видів родів *Iris* та *Musa*. Як маркери використовували гени 5S та 45S рДНК, за допомогою яких часто з'ясовують еволюційне походження видів; центромерні та теломерні зонди, а також житоспецифічні, субтеломерні послідовності pSc119.2, pSc200 та pSc250.

Молекулярно-цитогенетичний аналіз показав хромосомо-специфічну локалізацію повторів pSc200 та pSc250 на плечах хромосом у різних сортах жита. Поряд з цим, встановили інший характер розподілу гетерохроматинових ділянок на хромосомах диких злаків *Dasypyrum* та *Agropyron,* порівняно з культурною формою *Secale cereale* L. Також зроблено флуоресцентний аналіз на фібрилах ДНК та окремих хромосомах жита і пшениці після сортингу хромосом. Отримані результати необхідні для подальшої ідентифікації хромосом у каріотипах, а також для встановлення спорідненості між досліджуваними видами і напрямками дивергенції у трибі *Triticeae*.

При проведенні FISH аналізу *Deschampsia antarctica* E. Desv. нами показано наявність локусів 45S рДНК на двох парах хромосом та сайтів 5S рДНК на п'яти парах хромосом у диплоїдних генотипах виду. У каріотипі з B хромосомами молекулярно-цитогенетичний аналіз виявив наявність сайтів рДНК у субтеломерній ділянці однієї B хромосоми. У триплоїдного міксоплоїда (2n=36–39) з хромосомною перебудовою виявлено 6 сайтів 45S рДНК та 14 сайтів 5S рДНК, що, ймовірно, спричинено зростанням загального числа хромосом у цього генотипу.

При дослідженні роду *Musa* L. показано різну кількість FISH сигналів 45S рДНК на хромосомах різних видів, що вказує на відмінності в кількості копій цих генів. При цьому спостерігали більшу варіацію у кількості локусів 5S рДНК.

Вперше проведено FISH на рослинах *Iris pumila* L.(2n=32) та *Iris pseudopumila* Tineo (2n=16) з використанням рибосомних зондів, з метою з'ясування походження цих видів та їх можливого взаємозв'язку. Результати показали наявність 10 мажорних сигналів 45S рДНК на хромосомах *I. pumila* та 6 – у *I. pseudopumila*. Спостерігали 12 сигналів 5S рДНК на інтерфазних ядрах *I. pumila*, тоді як лише два – у *I. pseudopumila*. Ми припускаємо, що *I. pseudopumila* може бути однією з батьківських форм алотетраплоїдного *I. pumila*.

Отримані результати молекулярно-цитогенетичного аналізу розширюють знання геномного розподілу рДНК у багатьох видів рослин, а також допомагають у роз'ясненні деяких питань таксономічної класифікації родів та розуміння еволюційного походження видів.

HASTEROK R., BETEKHTIN A., BOROWSKA-ZUCHOWSKA N., BRASZEWSKA A., FRANKE P., HUS K., IDZIAK-HELMCKE D., KOLANO B., KUS A., KWASNIEWSKA J., LUSINSKA J., MYKHAILYK S., PINSKI A., ROBASZKIEWICZ E., SENDEROWICZ M., SHIMOMAI H., SKALSKA A., TRUNOVA D., WITTOCX H., WOLNY E.

Plant Cytogenetics and Molecular Biology Group, Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection, Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice
28 Jagiellonska Street, 40–032 Katowice, Poland
e-mail: robert.hasterok@us.edu.pl

A NEARLY 25-YEAR JOURNEY OF USING *BRACHYPODIUM* AS A MODEL SYSTEM IN PLANT MOLECULAR CYTOGENETICS: CURRENT STATUS AND FUTURE PROSPECTS

Nearly twenty-five years have passed since Draper et al., 2001 proposed *Brachypodium distachyon* as a model organism for temperate zone grasses, particularly cereals. Over time, other representatives of the genus *Brachypodium* have also attracted attention due to their diverse life strategies, geographical distribution, karyotypes, and complex phylogenetic relationships. As a result, the entire genus has gained recognition as a valuable model for studying various aspects of grass biology, as recently reviewed by Hasterok et al., 2022.

Among grasses, *Brachypodium* nuclear genomes are notable for their small size, low repeat content, and diverse basic chromosome numbers. Owing to the well-developed research infrastructure (The International Brachypodium Initiative, 2020; Gordon et al., 2020), the genus has become a unique object for comparative studies on multiple aspects of plant genome organisation from a cytomolecular perspective (Wolny et al., 2025). Research conducted so far has addressed, among others: (i) the structure and evolution of individual chromosomes and entire karyotypes (Sancho et al., 2021); (ii) the organisation of ribosomal DNA, with particular emphasis on genome-specific inactivation of the 35S rDNA locus, a phenomenon known as nucleolar dominance (Borowska-Zuchowska et al., 2023); (iii) the arrangement of chromosome domains and territories during interphase (Idziak et al., 2015; Robaszkiewicz et al., 2016); and (iv) genome stability and instability following treatment with mutagens (Kus et al., 2018). In this presentation, we outline the main areas of our current research on *Brachypodium* and discuss prospects for its further use as a model for advancing the understanding of plant genome structure, evolution, and dynamics at the cytomolecular level.

RH gratefully acknowledges financial support from the National Science Centre, Poland (grant no. 2018/31/B/NZ3/01761).