

УДК 573

**СУЧАСНИЙ СТАН ГЕНЕТИКИ, СЕЛЕКЦІЇ
ТА БІОТЕХНОЛОГІЇ В УКРАЇНІ**
(За матеріалами XI Міжнародної наукової конференції
«Фактори експериментальної еволюції організмів»,
12–16 вересня 2016 р., м. Одеса, Україна)

М. З. МОСУЛА¹, Н. М. ДРОБИК¹, В. А. КУНАХ²

¹Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка
Україна, 46027, м. Тернопіль, вул. М. Кривоноса, 2,
e-mail: drobyk.n@gmail.com

²Інститут молекулярної біології і генетики НАН України
Україна, 03680, м. Київ, вул. Академіка Заболотного, 150
e-mail: kunakh@imbg.org.ua

У статті подано інформацію про XI Міжнародну наукову конференцію «Фактори експериментальної еволюції організмів», присвячену 150-річчю від дня народження лауреата Нобелівської премії Томаса Ханта Морган та 115-річчю від дня народження академіка АН УРСР М. М. Гришка, а також про асоційований з конференцією VI з'їзд Всеукраїнської асоціації біологів рослин. Захід відбувся у м. Одеса на базі Одеського національного університету ім. І. І. Мечникова 12–16 вересня 2016 р.; в його роботі взяли участь 85 вітчизняних та зарубіжних учених, викладачів та аспірантів. У статті розглянуто наукові доповіді, представлені на конференції, та коротко наведено їх зміст; відмічено доповіді та статті, які рішенням Міжнародного наукового комітету конференції визнано кращими.

Ключові слова: генетика, селекція, біотехнологія, історія науки.

12–16 вересня 2016 р. відбулася XI Міжнародна конференція «Фактори експериментальної еволюції організмів», присвячена 150-річчю від дня народження лауреата Нобелівської премії Томаса Ханта Морган та 115-річчю від дня народження академіка АН УРСР М. М. Гришка, а також асоційований з конференцією VI з'їзд Всеукраїнської асоціації біологів рослин. Конференцію організовано Українським товариством генетиків і селекціонерів (УТГіС) імені М. І. Вавилова спільно з Одеським національним університетом імені І. І. Мечникова (ОНУ) та за сприяння і підтримки Інституту молекулярної біології і генетики НАН України.

Програма роботи конференції передбачала пленарні засідання, а також роботу шести секцій: «Еволюція геномів у природі та експерименті. Аналіз та оцінка генетичних ресурсів», «Біоінформатика та комп'ютерна біологія», «Молекулярні та клітинні біотехнології», «Прикладна генетика і селекція», «Молекулярна генетика та геноміка рослин», «Генетика людини та медична генетика». 14 вересня відбувся асоційований з конференцією VI з'їзд Всеукраїнської асоціації біологів рослин. Під час конференції було проведено Пленум ради УТГіС ім. М. І. Вавилова, а також екскурсії для гостей і учасників конференції містом Одесою та у зоологічний музей ОНУ.

До початку конференції за поданими матеріалами було опубліковано два чергові томи збірника наукових праць «Фактори експериментальної еволюції організмів» (т. 18 та т. 19, Київ : Логос, 2016; 266 с. та 272 с. відповідно), в яких узагальнено теоретичні і практичні досягнення провідних українських і зарубіжних учених. Видані праці, загалом 113 наукових статей, представлені авторами з Азербайджану, Білорусі, Латвії, Молдови, Німеччини, Польщі, Росії, України, Японії.

Статті охоплюють широкий спектр наукових досліджень і сприятимуть подальшому розвитку теоретичних основ загальної, молекулярної, біохімічної, медичної, еволюційної генетики, селекції тварин, рослин, мікроорганізмів, а також історії біологічної науки.

У роботі конференції безпосередню участь взяли 85 учених, які представляли організації провідних наукових центрів Баку (Азербайджан), Вінниці, Глухова, Дніпра, Катовіце (Польща), Києва та Київської області, Львова, Мінська та Мінської області (Білорусь), Одеси та Одеської області, Саласпілса (Латвія), Тернополя, Умані, Харкова та Харківської області, Чернівців.

Із вступною доповіддю з нагоди відкриття конференції 13-го вересня виступив голова Оргкомітету, президент УТГІС ім. М. І. Вавилова, член-кор. НАН України **В. А. Кунах**, який привітав учасників конференції і побажав їм плідної роботи. Він коротко зупинився на науковому внеску вчених, пам'яті яких присвячено конференцію, а саме на відкриттях **Т. Х. Моргана** та **М. М. Гришка**, які по суті започаткували сучасну генетику і епігенетику відповідно.

Учасників конференції привітав ректор ОНУ, професор **І. М. Коваль**, проректор з наукової роботи ОНУ, професор **В. О. Іваниця**, директор Селекційно-генетичного інституту — Національного центру насіннізнавства та сортовивчення НААН України, член-кореспондент НААН України **В. М. Соколов**. Присутні були зачаровані художнім вітанням студентів ОНУ, їхніми запальними танцями та піснями з одеським колоритом.

Пленарне засідання розпочалося доповіддю професора, д.с.-г.н. **Вировця В. Г.** (Дослідна станція луб'яних культур Інституту сільського господарства Північного Сходу НААН, Глухів, Україна) «Академік М. М. Гришко — основоположник наукової селекції конопель. До 115-річчя від дня народження»). Автор зазначив, що серед видатних вчених України, які присвятили своє життя вивченню рослинного світу на початку ХХ століття, коли успішно почала розвиватися біологічна наука в колишньому СРСР завдяки таланту акад. М. І. Вавилова, яскраво виділяється неординарна постать Миколи Миколайовича Гришка як продовжувача розвитку теоретичних і вирішення прикладних проблем генетики, селекції та акліматизації. Перу М. М. Гришка належить близько 150 друкованих праць, серед них два підручника з генетики

(один — у співавторстві з Л. М. Делоне), за якими навчались студенти усього Радянського Союзу. За його редакцією видано багато наукових збірників і монографій. Значну увагу Микола Миколайович приділяв підготовці кадрів, він виховав численний загін науковців високої кваліфікації — 40 кандидатів та докторів наук. Його глибокі напрацювання знайшли продовження в наукових дослідженнях колективу селекціонерів-коноплярів.

Наступною була доповідь д.б.н. **Карпової І. С.** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ) «Відкриття мутагенної дії ДНК у світлі латеральної геноміки», присвячена 110-річчю від дня народження академіка С. М. Гершензона. Доповідач розповіла, що роботами С. М. Гершензона і його школи на великому експериментальному матеріалі із застосуванням різних методів та об'єктів показано, що ДНК є потужним фактором не тільки спадковості, а й мінливості. Результати, одержані при вивченні мутагенної дії ДНК, у світлі сучасної латеральної геноміки можна трактувати як моделювання природного процесу взаємодії гетерологічних ДНК, який супроводжується їх мутагенною активністю.

К.б.н. **Лемеш В. А.** (директор Інституту генетики і цитології НАН Білорусі, м. Мінськ, Білорусь) представила доповідь «Развитие геномных технологий в Беларуси». Доповідач розповіла про те, що у Білорусі дослідження, спрямовані на розробку геномних біотехнологій, отримали динамічний розвиток в останні роки. Цьому в значній мірі сприяло визнання біотехнології пріоритетним напрямком наукової діяльності та формування цільових державних програм, результатом реалізації яких стали геномні біотехнології для сільського господарства, охорони здоров'я, спорту і охорони навколишнього середовища.

Після невеликої перерви учасники конференції мали змогу послухати доповідь проф. **Роберта Хастерока** (prof. **Robert Hasterok**, факультет біології і захисту навколишнього середовища, Сілезький університет, Катовіце, Польща) «Dissecting grass genome organization at the cytomolecular level using the model genus *Brachypodium*». Доповідачем підкреслено, що сучасна молекулярна цитогенетика поєднує в собі різні методологічні підходи цитології, молекулярної генетики та вдосконаленого цифрового аналізу зображень. Цей напрямок досліджень зосереджений на вивченні ядерних геномів на

мікроскопічному рівні. Цитомолекулярні дослідження організації геномів рослин все ще залишаються слабо вивченими, у порівнянні з тваринними. Автором зазначено, що більшість рослинних геномів, в тому числі економічно і екологічно важливих зернових культур та кормових трав, як правило, великі за обсягом і насичені повторюваною ДНК, що ускладнює проведення детальних молекулярно-цитогенетичних аналізів.

Інтерес присутніх викликала доповідь члена-кор. НАНУ **Кучука М. В.** (Інститут клітинної біології та генетичної інженерії, м. Київ) «Редагування геному рослин — від перенесення чужорідних генів до виправлення існуючих», у якій автор повідомив, що в Україні вперше проведено біолістичну трансформацію незрілих зародків кукурудзи 6-ти генотипів вітчизняної селекції. Отримано 13 незалежних стійких до фосфінотрицину рослин кукурудзи (T0). Після самозапилення 31 рослини T1 двох генотипів зібрано 6562 зернини T2, які було висаджено у закритий ґрунт. У фізіологічному досліді підтверджено резистентність трансгенної кукурудзи до гербіциду Basta.

Академік ЛАН, проф., д.б.н. **Рашаль І. Д.** (prof. **Isaak Rashal**, Інститут біології Латвійського університету, м. Саласпілс, Латвія) у доповіді «Генетический анализ популяций и охрана редких и исчезающих видов растений» повідомив, що ефективна охорона рідкісних і зникаючих видів рослин неможлива без знання генетичних особливостей популяцій цих видів на відповідних територіях. У доповіді було узагальнено досвід різних країн і наведені результати досліджень у цьому напрямку в Латвії. Зазначено, що дослідження в Латвії були проведені в рамках Державної програми «Екосистеми Латвії: значимість і її динаміка під впливом клімату (EVIDEnT)», проект 4.4. Біологічне різноманіття та його роль серед інших послуг екосистем.

У доповіді «*In silico* аналіз впливу мутацій на структуру білків та міжбілкові взаємодії у пшениці», яку виголосив член-кор. НАНУ, д.б.н. **Корнелюк О. І.** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ), показано, що методом моделювання за гомологією побудовано модельні просторові структури DELLA-домени регуляторних білків RHT-B1a і RHT-D1a (алельні варіанти «дикого типу») пшениці *Triticum aestivum* як окремо, так і в комплексі з рецептором гібереліну GID1-A1 пшениці.

Пізнавальною була доповідь члена-кор. НААНУ **Чеботар С. В.** (Одеський національний

університет імені І. І. Мечникова, Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннезнавства та сортовивчення НААН України, м. Одеса) «Алелі генів короткостебловості в українських сортах м'якої пшениці та їх вплив на агрономічні ознаки». Автор зазначила, що DELLA-протеїни з родини GRAS-протеїнів є регуляторами гіберелінзалежного росту рослин. Пояснено модель ГК-сигнального шляху у рослин, який розпочинається зі зв'язування біологічно активної гіберелової кислоти з рецептором та DELLA-протеїном, такий комплекс убиквітинується, завдяки чому стає мішенню для протеасомної деградації. При руйнації DELLA-протеїнів знімається репресія росту та спостерігається гіберелова відповідь, яка проявляється у індукції ростових процесів. У той час коли рівень біологічно активної зменшується, наприклад, через стресові умови, призупиняється деградація DELLA-протеїнів, які супресують ріст рослин. У випадку наявності мутантних алелів генів короткостебловості, DELLA-протеїни не зв'язуються з гібереловою кислотою, що запобігає руйнації DELLA-протеїнів та репресує ріст рослин.

У другій половині дня 13-го вересня було представлено секційні доповіді. Інтерес присутніх викликала доповідь **Воробійової М. М.** (Білоруський державний університет, м. Мінськ) «Генетическая структура вида *Macrosiphum gei* Koch., 1855 в Беларуси». Автор зазначила, що популяції *M. gei* в умовах Білорусі утворюють комплекс, всередині якого виділяються форми, асоційовані з конкретними кормовими рослинами і демонструють деякі генетичні відмінності. Рівень генетичної варіабельності за всіма STR-локусами у популяції *M. gei*, зібраних з різних кормових рослин, був невисоким.

Цікавою та пізнавальною була доповідь к.б.н. **Паренюк О. Ю.** (Інститут радіоактивності навколишнього середовища Університету Фукусіма, м. Фукусіма, Японія; Національний університет біоресурсів і природокористування, м. Київ) «Мікробіом ґрунту «рудого лісу»: як вплинуло забруднення радіонуклідами на структуру ґрунтової мікрофлори?». Автор повідомила, що ґрунти, навіть піддані такому екстремальному впливу як забруднення радіонуклідами та антропогенній трансформації ландшафту та рослинного покриву, мають надзвичайні можливості щодо підтримання структури мікробіому та відновлення популяції мікроорганізмів. Водночас, підвищені рівні радіонуклідного забруднення приводять до суттєвого збільшення різнома-

ніття, що може бути пов'язане з підвищеним еволюційним тиском на окремі організми в межах угруповання.

У доповіді «Ідентифікація та аналіз *in silico* генів стрес-індукованих транскрипційних факторів DREB2 у *Deschampsia antarctica* Desv.», яку виголосив від колективу авторів к.б.н. **Андрєєв І. О.** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ), показано, що вперше для рослини-екстремофіла *D. antarctica* ідентифіковані *in silico* два гени, що кодують стрес-індуковані транскрипційні фактори з групи DREB2, залучені до регуляції експресії генів відповіді на абіотичні стреси. Приналежність досліджених генів до цієї групи підтверджена наявністю ДНК-зв'язувального AP2/ERF-домєна, характерних консервативних мотивів та гомологією до генів-ортологів інших видів рослин. Обидва ідентифіковані гени містять інтрони. У нуклеотидній послідовності DaDREB2B виявлено відмінності, які передбачають можливість виключення консервативного для багатьох генів-ортологів інших злаків механізму регулювання експресії шляхом альтернативного сплайсингу. Нефункціональна в інших злаків конститутивна форма транскрипта цього гена у *D. antarctica* перетворилася на функціональну внаслідок односторонньої заміни, що привела до утворення нового старт-кодону. Виявлена мутація потенційно забезпечує конститутивну експресію захисних генів регулону DaDREB2B та може бути одним з проявів адаптації виду до екстремальних умов довкілля. Ідентифіковані гени DREB2 є перспективними кандидатами для подальшого дослідження їхньої участі у шляхах відповіді на абіотичні стреси у *D. antarctica*.

К.б.н. **Ожерєдов С. П.** (Державна установа «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України», м. Київ), представив доповідь «Скрінінг нітроанілінів на спорідненість до α -тубуліну міскантусу для їх використання у поліплоїдизації рослин цього роду». Доповідач повідомив про здійснення реконструкції та верифікації просторової структури молекули α -тубуліну міскантусу. Відібрано 4 нові найбільш перспективні динітроанілінові сполуки для подальшого використання у дослідках з поліплоїдизації рослин родини *Miscanthus*, а саме 4-метилсульфоніл-2,6-динітроанілін; N'-(N''-[2,6-динітро-4-трифторметилфеніл]пропіл) морфолін; N*1*-(2,6-динітро-4-трифторметил-феніл)-етилєн-1,2-діамінгідрохлорид; 1-{3-[2-(2,6-динітро-4-трифторметил-феніламіно)-етил]-4-

метил-2-феніламіно-2,3-дигідротіазол-5-іл}-етанонгідрохлорид.

Інформативною також була доповідь члена-кор. НАНУ, д.б.н. **Корнєлюка О. І.** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ) «Комп'ютерне моделювання просторової структури білка-модулятора гіберелінової відповіді RHT-1 *Triticum aestivum* L. з родини DELLA-GRAS білків», у якій відзначено, що автором із співробітниками отримано модель просторової структури DELLA-білка *Ta-RHT1* методом комп'ютерного моделювання за гомологією, причому в якості структурного шаблону використано SAM-залежні метилтрансферази. Проаналізовано структурні особливості функціональних ділянок і консервативних мотивів та передбачено функціональні сайти і амінокислотні залишки.

У доповіді к.б.н. **Співак С. І.** (Державна установа «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України», м. Київ) «Розроблення українського порталу даних щодо генетично модифікованих рослин «Genetically Modified Plants Gateway»» наведено дані про те, що розроблено Український портал «Genetically Modified Plants Gateway», що постійно оновлюється сертифікованими методиками та протоколами для аналізу вмісту генетично модифікованих компонентів у продуктах на основі рослинної сировини, адреса <http://gmpgw.ifbg.org.ua:8080/gmodb>.

Інтерес та жваву дискусію викликала доповідь **Савицького О. В.** (Інститут молекулярної біології та генетики НАН України, м. Київ) «Комп'ютерне моделювання молекулярної динаміки тирозин-тРНК синтетази та мутантних форм, асоційованих з нейропатією ШАРКО-МАРІ-ТУСА».

13-го вересня увечері відбувся пленум Ради УТГІС ім. М. І. Вавилова, на якому президент Товариства **В. А. Кунах** виступив з доповіддю «Підсумки роботи Президії товариства за період 2015–2016 рр. та головні завдання діяльності на 2017 рік». Доповідач повідомив, що поставлені попереднім Пленумом завдання на 2016 рік в основному виконані. Роботу Товариства було визнано задовільною. Значну увагу було приділено роботі Ради та Президії Товариства з обласними відділеннями, а також йшлося про подальше підвищення вимог до наукових статей, які друкуються у фаховому збірнику наукових праць «Фактори експериментальної еволюції організмів» та журналі «Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів». На Пленумі було прийнято рішення про проведення

наступного Х з'їзду УТГіС у м. Умань на базі Національного дендрологічного парку «Софіївка» НАН України та Уманського національного університету садівництва у першій декаді жовтня 2017 року. З'їзд присвятити 50-річчю від часу заснування Українського товариства генетиків і селекціонерів та 130-річчю від дня народження М. І. Вавилова. Надіслані на з'їзд матеріали опублікувати у збірнику «Фактори експериментальної еволюції організмів». Президії УТГіС до початку 2017 р. розробити норми представництва членів Товариства на з'їзді (порядок обрання делегатів), порядок його проведення, а також затвердити склад Міжнародного наукового комітету та оргкомітету з'їзду і на початку 2017 р. розіслати ці матеріали обласним відділенням Товариства.

Наступного дня, 14-го вересня, відбувся VI з'їзд Всеукраїнської асоціації біологів рослин. Пленарне засідання було розпочате доповіддю академіка НАН України, д.б.н. **Блюма Я. Б.** (Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України, м. Київ) «Поліморфізм довжини інтронів генів β -тубуліну як ефективний інструмент генотипування рослин». Автор розповів, що отримані на даний момент результати ТВР-аналізу (метод, заснований на оцінці поліморфізму довжини інтронів генів β -тубуліну) у рослин свідчать про те, що цей метод є зручним, надійним і придатним для широкого спектру видів рослин. Він може бути використаний для характеристики між- і внутрішньовидової різноманітності, а також для побудови генетичних карт, оскільки безпосередньо відображає варіації, що відбуваються всередині генів.

Цікавою та пізнавальною була доповідь к.б.н. **Лемеш В. А.** (Інститут генетики і цитології НАН Білорусі, м. Мінськ, Білорусь) «Формирование системы биобезопасности в Республике Беларусь». У ній автор звернула увагу присутніх на розробку технології створення трансгенних рослин, толерантних до широкого спектру важких металів і нафтопродуктів. Одержано трансгенні рослини, здатні успішно рости на ґрунтах, забруднених нафтопродуктами, а також важкими металами (міддю, свинцем, цинком, цезієм та ін.). Спільно з науковцями Великобританії отримано міжнародний патент.

Д.б.н. **Кравець О. А.** (Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України, м. Київ) у доповіді «Конкурентное и кооперативное поведение клеток в микроспорогенезе покрытосеменных» зазначила, що в ході диференціації тканин пиляка у покритонасінних спостерігають-

ся складні форми колективної «соціальної» поведінки клітин тапетума і мікроспороцитів. З інтенсифікацією цитоміксісу серед мікроспороцитів відбувається диференціація на «донорів» і «реципієнтів» (акцепторів). Між мікроспороцитами переважає кооперативне альтруїстичне поведіння; всередині тапетума, а також між мікроспороцитами і тапетальними клітинами у однодольних домінують конкурентні відносини. У дводольних конкурентні клітинні відносини у ранньому мікроспорогенезі не виявлено.

Д.б.н. **Мулюкіна Н. А.** (Національний науковий центр «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова» НААН, м. Одеса) у доповіді «Биотехнологические и молекулярно-генетические аспекты селекции винограда *Vitis vinifera* L.» розповіла, що в ННЦ «ІВіВ ім. В. Є. Таїрова» виведено понад 130 технічних, столових і підщепних сортів винограду, на 39 з них отримано патенти, 36 — введено до Реєстру сортів рослин України. Отримано 112 клонів 52-х сортів винограду. При цьому як в процесах генеративної, так і клоновій селекції використовуються методи культури *in vitro* і молекулярної генетики. Для підвищення ефективності селекції безнасінних сортів розроблено і застосовано комплекс біотехнологічних і молекулярно-генетичних методів, у тому числі розроблені середовища для культури незрілих зародків *in vitro* та проведено ранній скринінг безнасінних рослин за допомогою ДНК-маркера р3_VvAGL11 в популяції Кобзар × Русалка.

Значну увагу привернула доповідь к.б.н. **Литвина Д. І.** (Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України, м. Київ) «З'ясування ролі мікротрубочок у розвитку аутофагії у рослин, спричиненої дією абіотичних стресів». Доповідчачем показано, що синергічний вплив стресових факторів та інгібітора аутофагії Е-64 знижує виживаність клітин, що підкреслює адаптивну та захисну роль аутофагії у клітинах *Arabidopsis thaliana*. Водночас, стрес-залежні зміни експресії генів ізотипів α -тубуліну та *atg8*, вказують на функціональну роль мікротрубочкового цитоскелету у реалізації процесів аутофагії.

У доповіді «Генетична колекція *Aegilops biuncialis* Vis.»), яку виголосила к.б.н. **Козуб Н. О.** (Інститут захисту рослин НААН, м. Київ), було показано, що у генетичній колекції з 24 зразків *Ae. biuncialis* — «Колекція зразків *Aegilops biuncialis* Vis. за алелями локусів запасних білків *Glu-U1*, *Glu-M^p1*, *Gli-U1*, *Gli-M^p1*», представлено 40 алелей за основними локусами запасних білків хромосом першої гомеологі-

чної групи. Відповідні зразки можуть слугувати зразками-стандартами для ідентифікації цих алелей. Колекція включає від 50 до 100 % різноманітності алелей локусів запасних білків, виявленої в кримських популяціях.

Пізнавальною була доповідь д.б.н., проф. **Сатарової Т. М.** (ДНУ «Інститут зернових культур НААН України»; ДВНЗ «Український державний хіміко-технологічний університет», м. Дніпро) «Поліморфізм ліній кукурудзи вітчизняної селекції за SSR-маркерами». У ній автор зазначила, що в результаті проведеного дослідження встановлено можливість використання обраних 6 SSR-маркерів для ідентифікації та характеристики поліморфізму ліній кукурудзи української селекції. Індекс поліморфності вивчених маркерів для масиву оцінених ліній кукурудзи, створених у північній підзоні зони Степу України, знаходиться у межах 0,44–0,78. Ідентифіковано 29 алелей, у середньому по 4,83 алелі на локус, що свідчить про високе різноманіття досліджених ліній кукурудзи.

Проф., д.б.н. **Дробик Н. М.** (Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, м. Тернопіль) представила доповідь «Комплексний підхід до збереження рідкісних видів рослин». На основі проведених досліджень доповідачем зроблено висновок про розроблення підходу, який може бути використано для оцінки стану та відновлення популяцій видів роду *Gentiana* L. і близьких до тирличів гірських видів. Результати комплексної оцінки стану популяцій відкривають можливості прогнозування порушень у них на початкових етапах та сприяють збереженню біорізноманіття, що відповідає одному з найважливіших напрямів наукових досліджень, визначених Міжнародним програмним документом «Конвенція про біологічне різноманіття» та Президією НАН України.

Цікавими та пізнавальними були доповіді, представлені на секційних засіданнях.

Інтерес присутніх викликала доповідь к.б.н. **Ісаєнкова С. В.** (ДУ «Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України», м. Київ) «Розробка методу РНК-інтерференції гена цитокініндегідрогенази 2 пальчастого проса для отримання рослин з підвищеною продуктивністю». Автор зазначив, що з метою підвищення продуктивності рослин пальчастого проса апробовано методику агробактеріальної трансформації рослин створеною конструкцією для РНК інтерференції гена цитокініндегідрогенази 2 (*EcCKX2*), що містить часткову послідовність цього гена у сенс- та антисенс-орієнтації, для регуляції та

зменшення загально рівня цитокінінів. У результаті проведеної роботи отримано трансформовані лінії пальчастого проса, стійкі до селективного агенту гігроміцину.

К.б.н. **Білинська О. В.** (Інститут рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН України, м. Харків) у доповіді «Вплив регуляторів росту на реалізацію морфогенного потенціалу ячменю ярого (*Hordeum vulgare* L.) у культурі пиляків *in vitro*» представила наступні результати: варіювання складу живильного середовища для культивування пиляків ячменю ярого за регуляторами росту ауксинової та цитокінінової дії не привело загалом до зміни рангів генотипів за здатністю до андрогенезу *in vitro*; у генотипу з високою андрогенною здатністю вилучення регуляторів росту не вплинуло на частоту індукції андрогенних структур, але знизило вихід рослин-регенерантів через переважне утворення неморфогенного калюсу. Генотип з низькою реакцією на культивування пиляків потребував наявності 2,4-Д чи БАП в індукційній фазі андрогенезу *in vitro*, причому кращі гаплопродукційні показники було отримано саме на середовищі з цитокініном БАП за його використання як єдиного регулятора.

Інформативною також була доповідь **Ющук О. С.** (Львівський національний університет імені Івана Франка, м. Львів) «Глобальні механізми регуляції морфогенезу в спорангіальних актинобактерій», у якій автор показав, що глобальні регуляторні механізми морфогенезу в спорангіального актиноміцета *Actinoplanes teichomyceticus* виявляються багато в чому подібними до досліджених у стрептоміцетів. Зокрема показано, що такі регулятори, як *BldDAT* та *SsgBAT* мають функції, подібні до стрептоміцетних ортологів. Такий консерватизм свідчить про стародавність цих регуляторних механізмів. Мабуть, найважливішою відмінністю, про яку можна говорити на даному етапі досліджень, є відсутність *AdpA*-опосередкованої системи регуляції в *A. teichomyceticus*. Ця система, очевидно, виникла ексклюзивно у стрептоміцетів і не характерна для інших споруючих актинобактерій.

К.б.н. **Созінов І. О.** (Інститут захисту рослин НААН, м. Київ) виступив з доповіддю «Ефекти присутності пшенично-житніх транслокацій з 1RS в геномі пшениці м'якої та створення ліній з рекомбінантними транслокаціями». У ній автор розповів, що одночасна присутність двох пшенично-житніх транслокацій 1AL/1RS і 1BL/1RS у рослин F1 пшениці м'якої приводить до статистично істотного зниження озерненості. Рівень зниження озерненості у таких гібридів залежить від генетичного фону. Сорт Миронівська 67,

ймовірно, несе генетичні фактори, що підсилюють зниження рівня озерненості гібридів з двома транслокаціями. Незважаючи на зниження озерненості, у певних комбінаціях схрещення в F1 може спостерігатись гетерозис за масою зерна (Миронівська 67 × 7086 AR).

У доповіді «Успадкування та ефекти доповненої хромосоми S^t геному *Elymus sibiricus* з чужинними ознаками від амфіплоїда *Elytricum fertile*», яку виголосила к.б.н. **Моцний І. І.** (Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннезнавства та сортовивчення, м. Одеса) було підкреслено, що через посередництво неповного пшенично-елімусного амфіплоїда *Elytricum fertile* після 12 насичувань гібридів рекурентним сортом з цитогенетичним контролем хромосом та ознак стійкості до листової іржі і опушення листової пластинки здійснено введення S^t хромосоми від *E. sibiricus* в набір сорту озимої м'якої пшениці Обрій. Означена хромосома передавалась з частотою 19,0 % — через яйцеклітину і 3,5 % з пилком. Доповнення викликає у гомологічних хромосом пшениці схильність до асинапсису та зниження рівня кон'югації, що спричиняє анеуплоїдію за пшеничними хромосомами. Ефект виражається в незначному збільшенні кількості унівалентів і, головним чином, відкритих бівалентів.

Цікавими були доповіді к.б.н. **Жук І. В.** (Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України, м. Київ) «Роль пероксидази у формуванні неспецифічної стійкості пшениці до біотичного стресу за дії еліситора», к.б.н. **Проценко О. В.** (ННЦ «Інститут біології» Київського національного університету імені Тараса Шевченка, м. Київ) «Оцінка токсичності та генотоксичності меланіну на тест системі *Drosophila melanogaster*» та **Попова В. М.** (Інститут рослинництва ім. В. Я. Юрьєва НААН України, м. Харків) «Генетическая чистота семян — актуальный вопрос современной генетики и селекции растений».

Наступного дня, 15 вересня, пленарне засідання було розпочате доповіддю професора, д.б.н. **Волкова Р. А.** «Успадкування та реорганізація 5S та 45S рДНК у стародавніх алополіплоїдів» (Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, м. Чернівці). У доповіді автор зазначив, що поліплоїдні гібриди є популярним об'єктом для вивчення молекулярної еволюції генів і геномів рослин. Зокрема, було встановлено, що у геномах алоплоїдних видів можуть відбуватись суттєві перебудови повторюваних та унікальних послідовностей. З метою з'ясування взаємозв'язку цих процесів із часом

формування алоплоїдного геному, було досліджено молекулярну еволюцію 45S і 5S рибосомної ДНК (рДНК) у одного з найдавніших алогексаплоїдних видів, *Atropa belladonna*, який виник 10–15 млн. років тому. Отримані результати демонструють складну еволюційну динаміку локусів рДНК в алогексаплоїдного виду *A. belladonna*. Високий рівень уніфікації послідовностей у локусах 45S і 5S рДНК цього древнього гібридного виду був досягнутий за допомогою різних молекулярних механізмів.

Цікавою та пізнавальною була доповідь академіка НААНУ **Стельмаха А. Ф.** (Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннезнавства та сортовивчення НААН України, м. Одеса) «Деякі терміни, переклади та помилки в україномовній науковій літературі з генетики і селекції рослин». Автор підкреслив, що в україномовній науковій літературі з генетики і селекції рослин можна виявити низку типових помилок і неточностей, особливо при використанні спеціальних термінів, їх перекладів з або на інші мови, що викликають певні труднощі для розуміння змісту зарубіжними колегами. Вони виникають внаслідок різних причин і, перш за все, через недосконале розуміння змісту конкретного терміну та нюансів або тонкощів самої мови написання роботи. Лише редагування наукових статей досвідченим спеціалістом даної галузі науки (який до того ж володіє на пристойному рівні даною та чужою мовами) допоможе довести подібну статтю до повністю зрозумілого для чужоземного колеги рівня.

Д.б.н., проф. **Дромашком С. Е.** (Інститут генетики і цитології НАН Білорусі, м. Мінськ) у доповіді «Неинвазивное получение клеток из урины человека в целях регенеративной медицины» показано можливість отримання клоногенних клітин з урини людини, а також розроблена методика неінвазивного отримання первинної культури клітин. Встановлено, що найбільш відповідним матеріалом для отримання життєздатних клітин з урини людини є сеча вагітних жінок. Виявлено, що найбільш ефективним способом запобігання бактеріальному зараженню отриманих з урини клітин є метод багаторазового промивання біоматеріалу середовищем RPMI без антибіотиків. Показана перспективність інтенсифікації дослідження за рахунок паралельного (одночасного) відеозапису багатьох ділянок клітинної культури з допомогою комп'ютерного відеокomплексу «Цитомир».

Зацікавила присутніх доповідь д.б.н. **Козерецької І. А.** (ННЦ «Інститут біології» Київського

національного університету імені Тараса Шевченка, м. Київ) «Генетичні процеси в природних популяціях дрозоділ України: сучасність та зв'язок поколінь». Автор зазначила, що питання темпів мутаційних процесів та факторів, які впливають на них, залишається актуальним у наш час. Мобільні генетичні елементи, фактори зовнішнього середовища та ендосимбіотичні бактерії є важливими складовими таких впливів. Результати, отримані при дослідженні природних популяцій дрозоділ України у минулому сторіччі, дають унікальну можливість оцінити вказані процеси як у просторі так і у часі. Дослідження динаміки мобільних елементів Р та hobo, а також ендосимбіотичних бактерій *Wolbachia* свідчать про якісні зміни, які відбулися в останні роки в природних популяціях дрозоділ України.

У доповіді «От генетики человека до генной терапии — эволюция понятий и терминов, знаний и практик», яку виголосив проф., д.б.н. **Піс-кун Р. П.** (Вінницький національний медичний університет імені М. І. Пирогова, м. Вінниця), було підкреслено, що за останні десятиліття генетиками і молекулярними біологами накопичений величезний обсяг інформації, який вимагає не простого осмислення, а перегляду концепцій, на яких ґрунтуються принципи розуміння організації живих систем. Розшифровка структури геному показала наявність у ньому великого потенціалу функціональної інформації, використовувати яку вчені в повній мірі ще не можуть, але досягнення в галузі генної інженерії дозволили виділити особливу форму лікування генами — генну терапію, яка залишається одним з провідних напрямків молекулярної медицини і яка в найближчий час буде мати значний вплив на здоров'я людства.

Інтерес присутніх викликала доповідь членкор. АН Азербайджану **Азізова Ібрагіма Вахаба** (Інститут ботаніки, м. Баку, Азербайджан) «Действие хлоридного засоления на морфофизиологические признаки генотипов твердой и мягкой пшеницы». У ній показано, що у результаті досліджень 20 різних сортів твердої і м'якої пшениці було виявлено солестійкі форми за фізіологічними і врожайним показниками, які можна вирощувати в умовах слабо засолених ґрунтів, а також використати як вихідний матеріал для отримання стійкіших форм пшениці.

Після невеликої перерви розпочалися секційні засідання.

Сфіменко Т. С. (Національний університет «Києво-Могилянська академія», м. Київ) у доповіді «Поліморфізм інтрогресивних ліній *Triticum*

aestivum/Amblyopyrum muticum за геном *AGL21*, промотором розвитку коренів» зазначила, що геномно-заміщений амфідиплоїд Авротіка та сорт м'якої пшениці Аврора мають відмінні продукти ампліфікації, утворені з праймерами до другої частини кодувальної частини гена транскрипційного фактора *AGL21*, який позитивно регулює синтез ауксину в примордіях бічних коренів і тому бере участь у контролі розвитку коренів. Серед 250 проаналізованих рослин інтрогресивних ліній, що походять від схрещування Аврора х Авротіка, виявлено ті, що мають такий компонент як Аврора (56 рослин), і ті, що мають такий компонент як Авротіка. Лінії з апеллю цього гена, властивою Авротіці, за успішністю перенесення зимових стресів перевищують лінії, яким властива алель Аврори за геном *AGL21*. Цей ген можна використовувати як молекулярно-генетичний маркер зимостійкості при скринингуванні популяцій, що розщеплюються, отриманих від схрещування інтрогресивних ліній *T. aestivum / A. muticum*.

Цікавою і пізнавальною, на думку учасників конференції, була доповідь **Іващука Б. В.** (Інститут харчової біотехнології та геноміки НАН України, м. Київ) «Пошук генів стійкості до стеблової іржі, використовуючи послідовності NB домена білків класу NB-LRR як вихідну точку». Автором із співробітниками опрацьовано методику пошуку нових генів стійкості до стеблової іржі на основі даних за вже відомим геном. Також отримано 2 амплікони на матриці кДНК та 3 амплікони на матриці ДНК. Приблизний розмір фрагментів кДНК складав 700–800 пар нуклеотидів, а фрагментів ДНК — 1200–1400 пар нуклеотидів. З'ясовано, що розташування *DnaWheat2.1* збігається з одним із локусів стійкості до *Ug99* на хромосомі 7A. Одна з високоідентичних послідовностей до *DnaWheat2.1*, знаходиться дуже близько біля локусу гена *Sr22*, і можливо ці послідовності мають спільне походження.

Значну увагу привернули доповіді к.б.н. **Богданової М. В.** (Інститут генетики і цитології НАН Білорусі, м. Мінськ, Білорусь) «Применение молекулярно-генетических методов в генетико-селекционных исследованиях масличного льна в Беларуси», **Михайлик С. Ю.** (Національний університет «Києво-Могилянська академія», м. Київ) «Варіабельність внутрішньогенних мікросателітних повторів генів α -, β - та ω -гліадинів в інтрогресивних лініях пшениці», **Штефюк Т. В.** (Національний університет «Києво-Могилянська академія», м. Київ) «Характеристика генетичної різно-

манітності інтрогресивних ліній пшениці за консервативними регіонами генів стійкості».

Таким чином, упродовж трьох днів роботи конференції — 13-го, 14-го та 15-го вересня, у пленарному режимі було представлено та обговорено 22 пленарних, 23 секційних та 19 стендових наукових доповідей, в яких висвітлено результати фундаментальних досліджень з актуальних напрямів сучасної генетики, селекції, еволюції, біотехнології, молекулярної біології.

На заключному засіданні також підведено підсумки стану та перспектив розвитку сучасних напрямків генетики, селекції, біотехнології, а також еволюційної теорії й історії біології. Відзначено високий рівень як наукових доповідей, так і організації та проведення конференції, висловлено глибоку вдячність оргкомітетові. Кращі доповіді було визначено почесними грамотами.

За кращі секційні доповіді нагороджено учасників: **Воробіову М. М.**, к.б.н. **Паренюк О. Ю.**, к.б.н. **Андрєєва І. О.**, **Ющука О. С.**, **Савицького О. В.**, к.б.н. **Моцного І. І.**, к.б.н. **Богданову М. В.** та **Штефюк Т. В.**

За кращі стендові доповіді нагороджено колективи авторів: **Шиш С. Н.**, **Скаковский Е. Д.**, **Тычинская Л. Ю.**, **Шутова А. Г.**, **Спиридович Е. В.** «Биологически активные вещества перспективных видов *Nigella L.* и их изменения при обработке электромагнитным излучением» (м. Мінськ); **Блюм Р. Я.**, **Андрущенко О. Л.**, **Рахметова С. О.**, **Стаднічук Н. О.**, **Бойчук Ю. М.**, **Фіщенко В. В.**, **Ємець А. І.**, **Рахметов Д. Б.** «Порівняльний аналіз жирнокислотного складу олій тифону, редьки олійної та рижю як перспективної сировини для отримання біодизелю селекції НБС ім. М. М. Гришка НАН України»; **Акуленко О. А.**, **Коцаренко К. В.**, **Лило В. В.**, **Черних С. І.**, **Лукаш Л. Л.** «Зміна експресії репаративного ензиму MGMT та білка MARP при спільній дії цитокініну IFN-A2B та алкілу вальної сполуки MNNG на клітини людини *in vitro*»; **Галаєв А. В.**, **Галаєва М. В.** «Идентификация и распространение аллелей гена гибридного некроза *Ne1* у сортов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum L.*) Украины».

За активну участь в організації та проведенні XI Міжнародної наукової конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів» грамотами були нагороджені: співголова Міжнародного наукового комітету і оргкомітету конфе-

ренції, завідувач кафедри генетики та молекулярної біології ОНУ, член-кор НААНУ **Чеботар С. В.**, колектив цієї кафедри, низка співробітників **зоологічного музею ОНУ**, член оргкомітету конференції, заступник директора з наукової роботи Національного наукового центру «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова» НААН України **Мулюкіна Н. А.**

З метою подальшого продуктивного спілкування та обміну науковими результатами учасники конференції висловили побажання і надалі регулярно проводити конференції з актуальних проблем еволюційної теорії, сучасної генетики, селекції, біотехнології, історії біології тощо; запрошувати для участі в цих конференціях ширше коло фахівців з інших країн.

MODERN STATE OF GENETICS, SELECTION AND BIOTECHNOLOGY IN UKRAINE
(By the proceeding of the XI International conference «Factors for experimental evolution of organisms», September 12–16, 2016, Odesa, Ukraine)

M. Z. Mosula¹, N. M. Drobyk¹, V. A. Kunakh²

¹Volodymyr Hnatiuk
Ternopil National Pedagogical University
Ukraine, 46027, Ternopil, M. Kryvonosa str., 2
e-mail: drobyk.n@gmail.com

²Institute of Molecular Biology and Genetics
of NAS of Ukraine
Ukraine, 03680, Kyiv, Akademika Zabolotnogo str., 150
e-mail: kunakh@imbg.org.ua

This article provides information about the XI International scientific conference «Factors in experimental evolution of organisms» dedicated to the 150th birthday anniversary of Thomas Hunt Morgan, a Nobel Prize winner, and 115th birthday anniversary of M. M. Hryshko, an academician of Academy of Sciences of the UkrSSR and also information about the associated with the conference VI Congress of All-Ukrainian Association of Plant Biologists. The event was held at I. I. Mechnikov Odessa National University (Odessa, Ukraine) from the 12th–16th of September and was been attended by 85 scientists, educators, and PhD students. The paper reviews the scientific reports presented at the conference and briefly outlines their content. The best talks and articles selected by the International Scientific Committee of the conference have been noted.

Keywords: genetics, breeding, biotechnology, history of science.